

PCT

WELTOORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM

Internationales Büro

INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE  
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)



(51) Internationale Patentklassifikation <sup>6</sup> : <b>C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, A61K 38/17</b>		A2	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: <b>WO 99/47669</b>  (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: <b>23. September 1999 (23.09.99)</b>
(21) Internationales Aktenzeichen: <b>PCT/DE99/00908</b>  (22) Internationales Anmeldedatum: <b>19. März 1999 (19.03.99)</b>		(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).	
(30) Prioritätsdaten: <b>198 13 839.3 20. März 1998 (20.03.98) DE</b>		Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>	
(71) Anmelder ( <i>für alle Bestimmungsstaaten ausser US</i> ): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).			
(72) Erfinder; und			
(75) Erfinder/Anmelder ( <i>nur für US</i> ): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Amin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönbald-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).			
(54) Titel: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM TISSUE OF BREAST TUMORS			
(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS BRUSTTUMORGEWEBE			
(57) Abstract			
<p>The invention relates to human nucleic acid sequences, mRNA, cDNA, genomic sequences, from tissue of breast tumors which code for gene products or parts thereof, and to the use of said nucleic acid sequences. The invention also relates to the polypeptides obtained from the sequences and to the use thereof.</p>			
(57) Zusammenfassung			
<p>Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Brusttumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.</p>			
<p>Detailed description of the flowchart: 1. Priority List: Prostate, Blut, Blasen, Gebärmutter, Magen. 2. Normal Tissue (A): ~50,000 individual ESTs. 3. Tumor Tissue (B): ~50,000 individual ESTs. 4. Iterative Assembly (D): Involves merging datasets with increasing mismatch tolerance. 5. Results: ~8,000 Contigs + ~25,000 Singletons from Normal Tissue; ~8,000 Contigs + ~25,000 Singletons from Tumor Tissue. 6. Comparison of Database Variants (G): Compares normal and tumor ESTs against databases. 7. Final Output: Genes von Interesse (Genes of Interest).</p> <p>Legend: A.. NORMAL TISSUE 50,000 INDIVIDUAL ESTs B.. TUMOR TISSUE 50,000 INDIVIDUAL ESTs C.. PRIORITY LIST HIGH PROSTATE BREAST OVARY BLADDER UTERUS LOW D.. ITERATIVE ASSEMBLING WITH INCREASING MISMATCH G.. UNSPECIFICALLY EXPRESSED GENES I.. GENES OF INTEREST</p>			

**LEDIGLICH ZUR INFORMATION**

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Oesterreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estonland						

**Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brusttumorgewebe**

- 5 Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brusttumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.
- 10 Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.
- 15 Eine der Hauptodesursachen bei Frauen ist der Brustkrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.
- 20 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die 25 experimentelle Herangehensweise sehr.
- 30 Für die Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen, d.h. Genen, die als Ursache für oder als Folge von bösartigen Entartungen normalen, menschlichen Gewebes angesehen werden können, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -prolifertion wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen 35 der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs 40 dem gleichen Gen zugeordnet werden können.
- 45 Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren 45 Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte

gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

- 5 Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Brusttumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 10 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- 15 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161

- 20 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

- 25 c) oder  
30 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161  
35 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

40 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 2 bis Seq. ID No. 67 sowie Seq. ID No. 149 bis Seq. ID. 161 und Seq ID. 201 -202, die im Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind

45 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 hybridisieren.

50 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

- Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis
- 5 auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.
- 10 In der Literatur sind eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.
- Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B.,
- 15 phagescript, pBs, φX174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK232-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia),  
2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene),  
pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).
- 20 Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda PR, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.
- 25 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
- 30 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
- 35 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.
- Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.
- 40 Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
- 45 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.
- Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.

- 5 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198.

10 Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 15 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198.

15 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 20 183-185, 187, 190, 192-198 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

25 Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

30 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.

35 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.

40 Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 enthalten.

45 Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

50 Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161, sowie deren Verwendung

zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

- Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomicsche  
5 BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre  
Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-,  
, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf  
Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte  
identifiziert, auf denen die entsprechenden genomicschen Gene liegen. BAC-, PAC- und  
10 Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomicschen Gene in ihrer  
vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns)  
aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den  
Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).
- Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene  
15 und ihre chromosomal Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9,  
15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54,  
55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 zur Verwendung als  
Vehikel zum Gentransfer.

**Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen**

	Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der voliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
5	ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
	Contig=	Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).
10	Singleton=	Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.
	Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
15	N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
	X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren
20		

**Erklärung zu den Alignmentparametern**

25	minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
	maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
	maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

30

**Erklärung der Abbildungen**

35	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
40	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
45	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
50	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfundungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

**Beispiel 1****Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen**

10 Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den 20 Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch 25 diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Brusttumorgewebe ESTs.

30 Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)  
35 Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst 40 entwickelt.  
Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und 45 Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

50

**Beispiel 2****Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster**

5

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

10

**2.1 Elektronischer Northern-Blot**

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST 15 (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben 20 geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

25 **2.1.1**

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 2 gefunden, die 9x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.  
30 Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft ein 17-kDa-Interferon-induzierbares Gen..

Das Ergebnis ist wie folgt:

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T      T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000 undef
	Brust	0.0053	0.0458	0.1165 8.5843
	Eierstock	0.0030	0.0338	0.0899 11.1243
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0143	0.2714 3.6843
	Gehirn	0.0085	0.0099	0.8601 1.1626
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801 0.6329
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2599 0.7937
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2855 3.5025
	Niere	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0030	0.1066	0.0281 35.6161
	Prostata	0.0048	0.0043	1.1186 0.8939
	Uterus	0.0083	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm	0.0093		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0031		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
50	Eierstock-Uterus	0.0228		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0082		
	Gastrointestinal	0.0244		
	Haematopoetisch	0.0057		
55	Haut-Muskel	0.0032		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0010		
60	Prostata	0.0128		
	Sinnesorgane	0.0000		

**2.1.2.**

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 5 gefunden, die 30x stärker im Brustumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft „macrophage migration inhibition factor related protein 14(MRP-14)“.

Das Ergebnis ist wie folgt:

5

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
10	Blase	0.0093	0.1508	0.0616 16.2223
	Brust	0.0013	0.0392	0.0340 29.4320
	Eierstock	0.0152	0.0000	undef 0.0000
15	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698 1.4930
	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642 0.2729
	Gehirn	0.0051	0.0055	0.9289 1.0765
	Haematopoetisch	0.0993	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef 0.0000
20	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0261	0.0307	0.8508 1.1753
	Magen-Speiseroehre	0.1062	0.0230	4.6197 0.2165
25	Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9517 1.0508
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Pankreas	0.0114	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.1258	0.1600	0.7862 1.2720
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus	0.0826	0.0000	undef 0.0000
30	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenndarm	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0178		
	Sinnesorgane	0.0000		
35	Weisse_Blutkoerperchen	0.1018		
			FOETUS %Haeufigkeit	
40	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0062		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
45	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0037		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
50			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust	0.0000		
55	Eierstock-Uterus	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0052		
	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0057		
60	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0410		
	Nerven	0.0000		
	Prostata	0.0449		
65	Sinnesorgane	0.0000		

**2.1.3.**

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 16 gefunden, die 30x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

- 5 Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft menschliches Tim23, welches im Proteintranslokase-Komplex der inneren mitochondrialen Membran lokalisiert ist.  
 Das Ergebnis ist wie folgt:

10 Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
15	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0013	0.0153	0.0874	11.4458
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0082	1.1163	0.8958
	Gastrointestinal	0.0116	0.0095	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0076	0.0055	1.3934	0.7177
20	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
25	Lunge	0.0100	0.0024	4.2137	0.2373
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
30	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenndarm	0.0031			
35	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0125			
45	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0041			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0000			
50	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northerns gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

5

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
	Blase	0.0046	0.0128	0.3637	2.7495
	Brust	0.0067	0.0174	0.3822	2.6162
10	Eierstock	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0082	0.2233	4.4791
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0339	0.0110	3.0964	0.3230
	Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0137	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7138	1.4010
	Niere	0.0030	0.0342	0.0868	11.5165
	Pankreas	0.0057	0.0110	0.5143	1.9446
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0024	0.0085	0.2797	3.5758
	Uterus	0.0116	0.0071	1.6246	0.6155
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0093			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			

35

	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0092
	Gehirn 0.0188
40	Haematopoetisch 0.0079
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Niere 0.0000
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

50

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
	Brust 0.0204
	Eierstock-Uterus 0.0091
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0093
55	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0227
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0291
60	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T      T/N
5		Blase 0.0093	0.0256	0.3637 2.7495
		Brust 0.0133	0.0283	0.4704 2.1256
		Eierstock 0.0091	0.0104	0.8765 1.1409
10		Endokrines_Gewebe 0.0274	0.0490	0.5582 1.7916
		Gastrointestinal 0.0116	0.0095	1.2214 0.8187
		Gehirn 0.0212	0.0164	1.2902 0.7751
		Haematopoetisch 0.0084	0.0000	undef 0.0000
		Haut 0.0348	0.0000	undef 0.0000
15		Hepatisch 0.0149	0.0259	0.5739 1.7426
		Herz 0.0191	0.0137	1.3873 0.7208
		Hoden 0.0122	0.0000	undef 0.0000
		Lunge 0.0162	0.0165	0.9782 1.0223
		Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0153	1.8899 0.5291
20		Muskel-Skelett 0.0069	0.0120	0.5710 1.7513
		Niere 0.0178	0.0068	2.6050 0.3839
		Pankreas 0.0038	0.0221	0.1714 5.8337
		Penis 0.0180	0.0000	undef 0.0000
		Prostata 0.0214	0.0234	0.9152 1.0926
25		Uterus 0.0182	0.0214	0.8510 1.1751
		Brust-Hyperplasie 0.0073		
		Duenndarm 0.0218		
		Prostata-Hyperplasie 0.0357		
		Samenblase 0.0178		
30		Sinnesorgane 0.0118		
		Weisse_Blutkoerperchen 0.0218		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35		Entwicklung 0.0000		
		Gastrointenstinal 0.0154		
		Gehirn 0.0125		
		Haematopoetisch 0.0000		
40		Herz-Blutgefaesse 0.0123		
		Lunge 0.0111		
		Niere 0.0124		
		Prostata 0.0499		
		Sinnesorgane 0.0000		
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
		Brust 0.0000		
50		Eierstock-Uterus 0.0183		
		Endokrines_Gewebe 0.0000		
		Foetal 0.0076		
		Gastrointestinal 0.0488		
		Haematopoetisch 0.0000		
55		Haut-Muskel 0.0259		
		Hoden 0.0000		
		Lunge 0.0000		
		Nerven 0.0090		
		Prostata 0.0128		
60		Sinnesorgane 0.0000		

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000 undef
	Brust	0.0053	0.0196	0.2718 3.6790
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686 0.8557
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698 1.4930
	Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071 2.4562
	Gehirn	0.0076	0.0033	2.3223 0.4306
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0099	0.0129	0.7651 1.3069
	Herz	0.0064	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge	0.0050	0.0142	0.3511 2.8476
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683 1.1517
	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857 1.4584
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
25	Prostata	0.0167	0.0128	1.3051 0.7662
	Uterus	0.0033	0.0142	0.2321 4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenndarm	0.0062		
	Prostata-Hyperplasie	0.0119		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		
	FOETUS %Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0154		
	Gastrointestinal	0.0062		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0041		
	Lunge	0.0037		
	Niere	0.0062		
	Prostata	0.0249		
45	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0023		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0047		
	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0057		
55	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0000		
60	Prostata	0.0256		
	Sinnesorgane	0.0000		

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0186	0.0051	3.6370 0.2750
	Brust 0.0147	0.0261	0.5606 1.7038
	Eierstock 0.0182	0.0234	0.7791 1.2036
10	Endokrines_Gewebe 0.0456	0.0245	1.8605 0.5375
	Gastrointestinal 0.0233	0.0190	1.2214 0.8187
	Gehirn 0.0314	0.0230	1.3639 0.7332
	Haematopoetisch 0.0196	0.0378	0.5175 1.9325
	Haut 0.0199	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0050	0.0388	0.1275 7.8416
	Herz 0.0328	0.0275	1.1947 0.8371
	Hoden 0.0183	0.0351	0.5224 1.9144
	Lunge 0.0149	0.0284	0.5267 1.8986
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0460	0.4200 2.3811
20	Muskel-Skelett 0.0223	0.0480	0.4639 2.1554
	Niere 0.0208	0.0205	1.0130 0.9871
	Pankreas 0.0246	0.0055	4.4569 0.2244
	Penis 0.0449	0.0267	1.6846 0.5936
	Prostata 0.0167	0.0383	0.4350 2.2987
	Uterus 0.0231	0.0214	1.0831 0.9233
25	Brust-Hyperplasie 0.0109		
	Duenndarm 0.0125		
	Prostata-Hyperplasie 0.0357		
	Samenblase 0.0356		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0165		
	FOETUS %Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0307		
	Gastrointenstinal 0.0247		
	Gehirn 0.0375		
	Haematopoetisch 0.0118		
	Herz-Blutgefaesse 0.0204		
40	Lunge 0.0296		
	Niere 0.0185		
	Prostata 0.0249		
	Sinnesorgane 0.0279		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0068		
	Eierstock-Uterus 0.0068		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
50	Foetal 0.0093		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0114		
	Haut-Muskel 0.0097		
	Hoden 0.0078		
	Lunge 0.0082		
55	Nerven 0.0100		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0155		

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

5	NORMAL #Haeufigkeit	TUMOR #Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
	Blase 0.0139	0.0281	0.4959	2.0163
	Brust 0.0080	0.0414	0.1931	5.1778
	Eierstock 0.0122	0.0260	0.4674	2.1393
10	Endokrines_Gewebe 0.0274	0.0354	0.7728	1.2940
	Gastrointestinal 0.0252	0.0333	0.7561	1.3226
	Gehirn 0.0237	0.0175	1.3547	0.7382
	Haematopoetisch 0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0149	0.1693	0.0881	11.3508
15	Hepatisch 0.0149	0.0129	1.1477	0.8713
	Herz 0.0381	0.0412	0.9249	1.0812
	Hoden 0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0174	0.0615	0.2836	3.5259
20	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0383	0.2520	3.9685
	Muskel-Skelett 0.0171	0.0180	0.9517	1.0508
	Niere 0.0208	0.0548	0.3799	2.6323
	Pankreas 0.0284	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0180	0.1066	0.1685	5.9360
25	Prostata 0.0119	0.0213	0.5593	1.7879
	Uterus 0.0116	0.0285	0.4061	2.4622
	Brust-Hyperplasie 0.0109			
	Duenndarm 0.0374			
	Prostata-Hyperplasie 0.0386			
30	Samenblase 0.0356			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0113			
	 <b>FOETUS</b> #Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0307			
	Gastrointestinal 0.0216			
	Gehirn 0.0188			
	Haematopoetisch 0.0079			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0245			
	Lunge 0.0259			
	Niere 0.0062			
	Prostata 0.0748			
45	Sinnesorgane 0.0000			
	 <b>NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN</b> #Haeufigkeit			
	Brust 0.0068			
50	Eierstock-Uterus 0.0205			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0233			
	Gastrointestinal 0.0366			
	Haematopoetisch 0.0000			
55	Haut-Muskel 0.0615			
	Hoden 0.0078			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0181			
60	Prostata 0.0192			
	Sinnesorgane 0.0387			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T      T/N
5	Blase 0.0046	0.0128	0.3637 2.7495
	Brust 0.0053	0.0218	0.2446 4.0878
	Eierstock 0.0122	0.0026	4.6745 0.2139
10	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0109	0.3349 2.9861
	Gastrointestinal 0.0213	0.0048	4.4784 0.2233
	Gehirn 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0348	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0297	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0064	0.0137	0.4624 2.1624
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0324	0.0189	1.7118 0.5842
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0357	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0208	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0214	0.0085	2.5169 0.3973
	Uterus 0.0050	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0145		
	Duenndarm 0.0031		
	Prostata-Hyperplasie 0.0178		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0062	
	Gehirn 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0039	
40	Herz-Blutgefaesse 0.0041	
	Lunge 0.0148	
	Niere 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust 0.0000	
50	Eierstock-Uterus 0.0068	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0058	
	Gastrointestinal 0.0244	
	Haematopoetisch 0.0000	
55	Haut-Muskel 0.0130	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0246	
	Nerven 0.0020	
	Prostata 0.0256	
60	Sinnesorgane 0.0000	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

	NORMAL #Haeufigkeit	TUMOR #Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0139	0.0179	0.7793 1.2831
	Brust 0.0133	0.0414	0.3219 3.1067
	Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0073	0.0027	2.6791 0.3733
	Gastrointestinal 0.0058	0.0048	1.2214 0.8187
	Gehirn 0.0093	0.0153	0.6082 1.6441
	Haematopoetisch 0.0098	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0199	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0050	0.0129	0.3826 2.6139
	Herz 0.0085	0.0137	0.6166 1.6218
	Hoden 0.0061	0.0117	0.5224 1.9144
	Lunge 0.0237	0.0213	1.1120 0.8993
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0077	1.2599 0.7937
20	Muskel-Skelett 0.0103	0.0180	0.5710 1.7513
	Niere 0.0030	0.0479	0.0620 16.1231
	Pankreas 0.0038	0.0221	0.1714 5.8337
	Penis 0.0090	0.0533	0.1685 5.9360
	Prostata 0.0071	0.0085	0.8390 1.1919
25	Uterus 0.0050	0.0214	0.2321 4.3088
	Brust-Hyperplasie 0.0182		
	Duenndarm 0.0062		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0331		

	FOETUS #Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0031
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN #Haeufigkeit
	Brust 0.0340
50	Eierstock-Uterus 0.0023
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0006
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0057
55	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0656
	Nerven 0.0030
	Prostata 0.0000
60	Sinnesorgane 0.0387

## El ktronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5				
	Blase 0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
	Brust 0.0160	0.0545	0.2936	3.4065
	Eierstock 0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
10	Endokrines_Gewebe 0.0091	0.0082	1.1163	0.8958
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0149	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0021	0.0275	0.0771	12.9744
	Hoden 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehze 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0048	0.0106	0.4475	2.2349
25	Uterus 0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0218			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0238			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0044			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointenstinal 0.0031			
	Gehirn 0.0125			
	Haematopoetisch 0.0039			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
	Lunge 0.0074			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0249			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
50	Eierstock-Uterus 0.0046			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0041			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
55	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0070			
	Prostata 0.0128			
60	Sinnesorgane 0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0128	1.4548	0.6874
	Brust	0.0093	0.0283	0.3293	3.0366
	Eierstock	0.0122	0.0026	4.6745	0.2139
10	Endokrines_Gewebe	0.0237	0.0136	1.7414	0.5742
	Gastrointestinal	0.0271	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0068	0.0120	0.5630	1.7762
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
	Herz	0.0307	0.0275	1.1176	0.8948
	Hoden	0.0122	0.0234	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0125	0.0047	2.6336	0.3797
20	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0230	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758	2.1015
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038	0.0166	0.2286	4.3753
	Penis	0.0539	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0214	0.0341	0.6292	1.5892
25	Uterus	0.0446	0.0142	3.1331	0.3192
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0307
	Gastrointestinal	0.0308
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0039
40	Herz-Blutgefaesse	0.0082
	Lunge	0.0370
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust	0.0204
50	Eierstock-Uterus	0.0114
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0099
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0285
55	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0110
	Prostata	0.0128
60	Sinnesorgane	0.0155

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

	NORMAL *Haeufigkeit	TUMOR *Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Brust 0.0080	0.0261	0.3058 3.2702
	Eierstock 0.0061	0.0234	0.2597 3.8507
	Endokrines_Gewebe 0.0073	0.0163	0.4465 2.2395
10	Gastrointestinal 0.0078	0.0048	1.6285 0.6141
	Gehirn 0.0076	0.0077	0.9953 1.0047
	Haematopoetisch 0.0182	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0388	0.0000 undef
	Herz 0.0042	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0125	0.0165	0.7524 1.3290
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0153	0.6300 1.5874
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0149	0.0137	1.0854 0.9213
20	Pankreas 0.0019	0.0055	0.3428 2.9168
	Penis 0.0090	0.0267	0.3369 2.9680
	Prostata 0.0524	0.0341	1.5381 0.6501
	Uterus 0.0066	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0062		
	Prostata-Hyperplasie 0.0386		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0235		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0113		
	FOETUS		
	*Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0154		
	Gastrointenstinal 0.0092		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0041		
40	Lunge 0.0259		
	Niere 0.0247		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	*Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0183		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0181		
	Gastrointestinal 0.0366		
	Haematopoetisch 0.0285		
	Haut-Muskel 0.0324		
55	Hoden 0.0078		
	Lunge 0.0246		
	Nerven 0.0020		
	Prostata 0.0705		

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0093	0.0102	0.9092 1.0998
	Brust 0.0027	0.0196	0.1359 7.3580
	Eierstock 0.0000	0.0234	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0055	0.0381	0.1435 6.9675
	Gastrointestinal 0.0058	0.0143	0.4071 2.4562
	Gehirn 0.0076	0.0066	1.1612 0.8612
	Haematopoetisch 0.0084	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0201	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0122	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0100	0.0165	0.6020 1.6612
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0060	0.2855 3.5025
	Niere 0.0119	0.0137	0.8683 1.1517
	Pankreas 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0095	0.0128	0.7458 1.3409
25	Uterus 0.0066	0.0142	0.4642 2.1544
	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0187		
	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
	Samenblase 0.0356		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0052		

	FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0123	
	Gehirn 0.0188	
	Haematopoetisch 0.0118	
	Herz-Blutgefaesse 0.0123	
40	Lunge 0.0185	
	Niere 0.0124	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0140	
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust 0.0000	
50	Eierstock-Uterus 0.0068	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0064	
	Gastrointestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0057	
55	Haut-Muskel 0.0130	
	Hoden 0.0312	
	Lunge 0.0164	
	Nerven 0.0070	
	Prostata 0.0128	
60	Sinnesorgane 0.0000	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL #Haeufigkeit	TUMOR #Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase	0.0046	0.0077	0.6062 1.6497
	Brust	0.0040	0.0240	0.1668 5.9954
	Eierstock	0.0030	0.0130	0.2337 4.2786
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0271	0.0095	2.8499 0.3509
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0448	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge	0.0087	0.0071	1.2290 0.8137
	Magen-Speiseroehre	0.0869	0.0230	3.7798 0.2646
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0180	0.0533	0.3369 2.9680
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373 0.4470
25	Uterus	0.0116	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm	0.0125		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	FOETUS			
	#Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0074		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	#Haeufigkeit			
	Brust	0.0000		
50	Eierstock-Uterus	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0057		
55	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0000		
	Prostata	0.0000		
60	Sinnesorgane	0.0000		

## Elektronischer Northerm für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T      T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Brust	0.0027	0.0196	0.1359 7.3580
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1461 6.8457
10	Endokrines_Gewebe	0.0182	0.0109	1.6745 0.5972
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0051	0.0099	0.5161 1.9377
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651 1.3069
	Herz	0.0085	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge	0.0100	0.0071	1.4046 0.7120
20	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1406 0.3184
	Niere	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis	0.0090	0.0533	0.1685 5.9360
25	Prostata	0.0191	0.0106	1.7898 0.5587
	Uterus	0.0116	0.0071	1.6246 0.6155
	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenndarm	0.0062		
	Prostata-Hyperplasie	0.0208		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0118
40	Herz-Blutgefaesse	0.0245
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust	0.0136
	Eierstock-Uterus	0.0000
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0456
55	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0078
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0064
60	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0120	0.0763	0.1573 6.3588
	Eierstock 0.0608	0.0234	2.5969 0.3851
10	Endokrines_Gewebe 0.0073	0.0245	0.2977 3.3593
	Gastrointestinal 0.0872	0.1000	0.8724 1.1462
	Gehirn 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0149	0.0388	0.3826 2.6139
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0050	0.0355	0.1405 7.1196
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0230	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000 undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
25	Prostata 0.0119	0.0958	0.1243 8.0455
	Uterus 0.0017	0.0214	0.0774 12.9263
	Brust-Hyperplasie 0.0073		
	Duenndarm 0.0436		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0470		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		

	FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0247	
	Gehirn 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Niere 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust 0.0000	
50	Eierstock-Uterus 0.0205	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0052	
	Gastrointestinal 0.0366	
	Haematopoetisch 0.0000	
55	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0321	
60	Sinnesorgane 0.0000	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust 0.0040	0.0240	0.1668 5.9954
	Eierstock 0.0182	0.0078	2.3372 0.4279
	Endokrines_Gewebe 0.0164	0.0245	0.6698 1.4930
10	Gastrointestinal 0.0213	0.0190	1.1196 0.8932
	Gehirn 0.0144	0.0186	0.7741 1.2918
	Haematopoetisch 0.0056	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0248	0.0065	3.8257 0.2614
	Herz 0.0138	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0428	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0199	0.0165	1.2039 0.8306
	Magen-Speiserhoehe 0.0097	0.0230	0.4200 2.3811
	Muskel-Skelett 0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0119	0.0137	0.8683 1.1517
20	Pankreas 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0150	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0119	0.0192	0.6215 1.6091
	Uterus 0.0132	0.0142	0.9283 1.0772
25	Brust-Hyperplasie 0.0254		
	Duenndarm 0.0093		
	Prostata-Hyperplasie 0.0238		
	Samenblase 0.0178		
	Sinnesorgane 0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0044		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0062		
	Gehirn 0.0125		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
40	Lunge 0.0111		
	Niere 0.0185		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0140		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0068		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0058		
	Gastrointestinal 0.0488		
	Haematopoetisch 0.0114		
	Haut-Muskel 0.0065		
55	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0040		
	Prostata 0.0385		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T      T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust	0.0067	0.0261	0.2548 3.9243
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143 1.2281
	Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741 1.2918
	Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz	0.0042	0.0137	0.3083 3.2436
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801 0.6329
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0030	0.0137	0.2171 4.6066
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073		
	Duenndarm	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052		
				FOETUS
				%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45				NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
				%Haeufigkeit
	Brust	0.0068		
50	Eierstock-Uterus	0.0046		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0023		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0228		
55	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0000		
	Prostata	0.0064		
60	Sinnesorgane	0.0000		

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T      T/N
5	Blase 0.0046	0.0051	0.9092 1.0998
	Brust 0.0093	0.0218	0.4281 2.3359
	Eierstock 0.0061	0.0078	0.7791 1.2836
10	Endokrines_Gewebe 0.0055	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0059	0.0033	1.8062 0.5536
	Haematopoetisch 0.0126	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0847	0.0587 17.0262
15	Hepatisch 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0138	0.0137	1.0020 0.9980
	Hoden 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0112	0.0024	4.7404 0.2110
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0537	0.1800 5.5559
20	Muskel-Skelett 0.0086	0.0180	0.4758 2.1015
	Niere 0.0119	0.0274	0.4342 2.3033
	Pankreas 0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0030	0.0267	0.1123 8.9040
	Prostata 0.0143	0.0043	3.3559 0.2980
25	Uterus 0.0033	0.0071	0.4642 2.1544
	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0062		
	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0070		

	FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0092	
	Gehirn 0.0125	
	Haematopoetisch 0.0157	
	Herz-Blutgefaesse 0.0041	
40	Lunge 0.0037	
	Niere 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust 0.0000	
50	Eierstock-Uterus 0.0114	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0029	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0114	
55	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0020	
	Prostata 0.0000	
60	Sinnesorgane 0.0000	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T      T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Brust	0.0040	0.0131	0.3058 3.2702
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0136	0.0048	2.8499 0.3509
	Gehirn	0.0059	0.0099	0.6021 1.6609
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0597	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz	0.0064	0.0137	0.4624 2.1624
	Hoden	0.0000	0.0351	0.0000 undef
	Lunge	0.0012	0.0095	0.1317 7.5943
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0230	0.8399 1.1905
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420 0.8756
	Niere	0.0059	0.0068	0.8683 1.1517
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0143	0.0213	0.6712 1.4899
25	Uterus	0.0066	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm	0.0093		
	Prostata-Hyperplasie	0.0089		
	Samenblase	0.0178		
30	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0250
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz=Blutgefaesse	0.0245
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0185
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0136
50	Eierstock-Uterus	0.0297
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0222
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0064
60	Sinnesorgane	0.0077

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0046	0.0102	0.4546	2.1996
	Brust 0.0027	0.0174	0.1529	6.5404
	Eierstock 0.0152	0.0234	0.6492	1.5403
10	Endokrines Gewebe 0.0146	0.0327	0.4465	2.2395
	Gastrointestinal 0.0291	0.0095	3.0535	0.3275
	Gehirn 0.0203	0.0252	0.8078	1.2380
	Haematopoetisch 0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0137	0.0118	1.1588	0.8630
15	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett 0.0206	0.0060	3.4261	0.2919
	Niere 0.0327	0.0411	0.7960	1.2563
	Pankreas 0.0114	0.0221	0.5143	1.9446
20	Penis 0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0286	0.0234	1.2203	0.8195
	Uterus 0.0165	0.0071	2.3208	0.4309
	Brust-Hyperplasie 0.0145			
	Duenndarm 0.0187			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0119			
	Samenblase 0.0178			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0122			
30	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0154			
35	Gehirn 0.0313			
	Haematopoetisch 0.0039			
	Herz-Blutgefaesse 0.0368			
	Lunge 0.0111			
	Niere 0.0124			
40	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
45	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0228			
	Endokrines_Gewebe 0.0245			
	Foetal 0.0035			
50	Gastrointestinal 0.0244			
	Haematopoetisch 0.0171			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0156			
	Lunge 0.0246			
55	Nerven 0.0090			
	Prostata 0.0192			
	Sinnesorgane 0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust 0.0040	0.0131	0.3058 3.2702
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0027	1.3396 0.7465
	Gastrointestinal 0.0039	0.0048	0.8143 1.2281
	Gehirn 0.0102	0.0077	1.3270 0.7536
	Haematopoetisch 0.0084	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0137	0.0000 undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0012	0.0047	0.2634 3.7971
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0240	0.1428 7.0051
	Niere 0.0059	0.0068	0.8683 1.1517
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0030	0.0267	0.1123 8.9040
	Prostata 0.0000	0.0064	0.0000 undef
	Uterus 0.0017	0.0071	0.2321 4.3088
25	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0062		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		

	FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointenstinal 0.0031	
	Gehirn 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000	
	Lunge 0.0111	
	Niere 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust 0.0000	
50	Eierstock-Uterus 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
55	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0040	
	Prostata 0.0000	
60	Sinnesorgane 0.0000	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL #Haeufigkeit	TUMOR #Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T      T/N
5	Blase	0.0093	0.0077	1.2123 0.8249
	Brust	0.0067	0.0131	0.5096 1.9621
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0042	0.0175	0.2419 4.1338
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0064	0.0412	0.1541 6.4872
	Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0062	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428 7.0051
	Niere	0.0089	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000 undef
	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745 0.2235
25	Uterus	0.0033	0.0142	0.2321 4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenndarm	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		

		FOETUS #Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0307
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0250
	Haematopoetisch	0.0197
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0185
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0558
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		#Haeufigkeit
	Brust	0.0068
50	Eierstock-Uterus	0.0091
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0064
60	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000 undef
	Brust	0.0013	0.0109	0.1223 8.1755
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843 1.7114
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0082	0.4465 2.2395
	Gastrointestinal	0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0025	0.0307	0.0829 12.0569
	Haematopoetisch	0.0140	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge	0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565 1.1675
	Niere	0.0000	0.0205	0.0000 undef
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0071	0.0043	1.6779 0.5960
25	Uterus	0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm	0.0062		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0226		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0197
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust	0.0204
50	Eierstock-Uterus	0.0023
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
55	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0128
60	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T      T/N
5	Blase	0.0186	0.0153	1.2123 0.8249
	Brust	0.0133	0.0436	0.3058 3.2702
	Eierstock	0.0182	0.0130	1.4023 0.7131
10	Endokrines Gewebe	0.0073	0.0191	0.3827 2.6128
	Gastrointestinal	0.0194	0.0095	2.0357 0.4912
	Gehirn	0.0237	0.0449	0.5287 1.8916
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651 1.3069
	Herz	0.0254	0.0550	0.4624 2.1624
	Hoden	0.0244	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0224	0.0165	1.3544 0.7383
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758 2.1015
	Niere	0.0208	0.0205	1.0130 0.9871
	Pankreas	0.0114	0.0387	0.2939 3.4030
	Penis	0.0120	0.0267	0.4492 2.2260
	Prostata	0.0214	0.0128	1.6779 0.5960
25	Uterus	0.0066	0.0142	0.4642 2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0073		
	Duenndarm	0.0031		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0305		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.1537
	Gastrointestinal	0.0401
	Gehirn	0.1126
	Haematopoetisch	0.0472
40	Herz-Blutgefaesse	0.0164
	Lunge	0.0481
	Niere	0.0247
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.1954
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust	0.0544
50	Eierstock-Uterus	0.0320
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0636
	Gastrointestinal	0.0610
	Haematopoetisch	0.0057
55	Haut-Muskel	0.1328
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0191
	Prostata	0.0064
60	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0046	0.0026	1.8185 0.5499
	Brust 0.0027	0.0109	0.2446 4.0878
	Eierstock 0.0000	0.0078	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0054	0.3349 2.9861
	Gastrointestinal 0.0078	0.0048	1.6285 0.6141
	Gehirn 0.0263	0.0110	2.3997 0.4167
	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0099	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0064	0.0275	0.2312 4.3248
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0112	0.0047	2.3702 0.4219
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0051	0.0060	0.8565 1.1675
	Niere 0.0089	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0150	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0048	0.0064	0.7458 1.3409
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
25	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0125		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0044		

	FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0031	
	Gehirn 0.0063	
	Haematopoetisch 0.0079	
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Niere 0.0000	
	Prostata 0.0249	
	Sinnesorgane 0.0000	
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust 0.0136	
50	Eierstock-Uterus 0.0091	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0047	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
55	Haut-Muskel 0.0227	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0246	
	Nerven 0.0231	
	Prostata 0.0064	
60	Sinnesorgane 0.0000	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0230	0.6062	1.6497
	Brust	0.0013	0.0131	0.1019	9.8107
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
10	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0027	4.6885	0.2133
	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn	0.0085	0.0142	0.5955	1.6794
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef
	Herz	0.0159	0.0137	1.1561	0.8650
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0224	0.0260	0.8619	1.1602
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5696	0.3892
	Niere	0.0149	0.0137	1.0854	0.9213
	Pankreas	0.0038	0.0110	0.3428	2.9168
	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0191	0.0255	0.7458	1.3409
25	Uterus	0.0132	0.0071	1.8567	0.5386
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0183			

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0123
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefaesse	0.0041
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0124
	Prostata	0.0748
	Sinnesorgane	0.0000
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust	0.0204
50	Eierstock-Uterus	0.0091
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0366
	Haematopoetisch	0.0114
55	Haut-Muskel	0.0356
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0128
60	Sinnesorgane	0.0155

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0139	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0013	0.0109	0.1223 8.1755
	Eierstock 0.0091	0.0078	1.1686 0.8557
10	Endokrines_Gewebe 0.0128	0.0082	1.5628 0.6399
	Gastrointestinal 0.0097	0.0095	1.0178 0.9825
	Gehirn 0.0068	0.0066	1.0321 0.9689
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0099	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0248	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0037	0.0095	0.3950 2.5314
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0069	0.0060	1.1420 0.8756
	Niere 0.0149	0.0068	2.1708 0.4607
	Pankreas 0.0057	0.0055	1.0285 0.9723
	Penis 0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0048	0.0064	0.7458 1.3409
25	Uterus 0.0017	0.0071	0.2321 4.3088
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0093		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		

	FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0154	
	Gastrointestinal 0.0062	
	Gehirn 0.0063	
	Haematopoetisch 0.0000	
40	Herz-Blutgefaesse 0.0041	
	Lunge 0.0074	
	Niere 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust 0.0068	
50	Eierstock-Uterus 0.0091	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0111	
	Gastrointestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0057	
55	Haut-Muskel 0.0453	
	Hoden 0.0078	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0100	
	Prostata 0.0128	
60	Sinnesorgane 0.0000	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0013	0.0109	0.1223 8.1755
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0027	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0051	0.0011	4.6446 0.2153
	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0048	0.0021	2.2373 0.4470
25	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		

	FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0031	
	Gehirn 0.0125	
	Haematopoetisch 0.0000	
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Niere 0.0062	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust 0.0000	
50	Eierstock-Uterus 0.0114	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0017	
	Gastrointestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0000	
55	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0020	
	Prostata 0.0064	
60	Sinnesorgane 0.0000	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL #Haeufigkeit	TUMOR #Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0046	0.0102	0.4546 2.1996
	Brust 0.0000	0.0218	0.0000 undef
	Eierstock 0.0122	0.0442	0.2750 3.6368
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0027	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0136	0.0190	0.7125 1.4035
	Gehirn 0.0008	0.0077	0.1106 9.0427
	Haematopoetisch 0.0322	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000 undef
15	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge 0.0535	0.0473	1.1324 0.8831
	Magen-Speiseroehre 0.0676	0.0767	0.8819 1.1339
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Pankreas 0.0114	0.0055	2.0570 0.4861
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0071	0.0128	0.5593 1.7879
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0249		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0235		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.1140		
	FOETUS		
	#Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0154		
	Gastrointestinal 0.0154		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Herz-Blutgefaesse 0.0041		
40	Lunge 0.0037		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	#Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0000		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0029		
	Gastrointestinal 0.0366		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
55	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0067	0.0131	0.5096 1.9621
	Eierstock 0.0061	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0033	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0084	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0119	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0024	0.0043	0.5593 1.7879
25	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0073		
	Duenndarm 0.0031		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		

	FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Gehirn 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Niere 0.0124	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust 0.0000	
50	Eierstock-Uterus 0.0046	
	Endokrines_Gewebe 0.0490	
	Foetal 0.0029	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
55	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0082	
	Nerven 0.0131	
	Prostata 0.0000	
60	Sinnesorgane 0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5					
10	Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust	0.0053	0.0283	0.1882	5.3141
	Eierstock	0.0122	0.0130	0.9349	1.0696
15	Endokrines_Gewebe	0.0347	0.0300	1.1569	0.8644
	Gastrointestinal	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0153	0.0131	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
20	Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
	Herz	0.0127	0.0137	0.9249	1.0812
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0212	0.0165	1.2792	0.7818
25	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0180	0.6662	1.5011
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0533	0.0562	17.8081
30	Prostata	0.0167	0.0064	2.6101	0.3831
	Uterus	0.0066	0.0071	0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenndarm	0.0125			
35	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0353			
40	Weisse_Blutkoerperchen	0.0235			
45					
50					
55					
60					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0027	0.0174	0.1529 6.5404
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0082	0.0000 undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0048	0.0000 undef
	Gehirn 0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0050	0.0000	undef 0.0000
15	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0087	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0024	0.0021	1.1186 0.8939
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0031		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0178		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0070		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
40	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0000		
50	Endokrines_Gewebe 0.0245		
	Foetal 0.0117		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
55	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0070		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

	NORMAL #Haeufigkeit	TUMOR #Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0128	0.0000 undef
	Brust 0.0040	0.0218	0.1835 5.4504
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal 0.0058	0.0095	0.6107 1.6375
	Gehirn 0.0000	0.0033	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0056	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0012	0.0047	0.2634 3.7971
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0048	0.0021	2.2373 0.4470
	Uterus 0.0050	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0031		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061		
	FOETUS		
	#Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0031		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
40	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0185		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	#Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0000		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0006		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0228		
	Haut-Muskel 0.0000		
55	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0128		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			

## Elektronisch r Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust	0.0053	0.0109	0.4893 2.0439
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843 1.7114
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000 undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0050	0.0024	2.1069 0.4746
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenndarm	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust	0.0340
50	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0146
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0181
	Prostata	0.0000
60	Sinnesorgane	0.0077

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0013	0.0109	0.1223 8.1755
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines Gewebe 0.0018	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0008	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0024	0.0000 undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0267	0.0000 undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenn darm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointenstinal 0.0000	
	Gehirn 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Niere 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust 0.0000	
50	Eierstock-Uterus 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0029	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
55	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0010	
	Prostata 0.0064	
60	Sinnesorgane 0.0000	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0013	0.0153	0.0874 11.4458
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0048	0.0000 undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0012	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0039		
40	Herz-Blutgefaesse 0.0041		
	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
50	Eierstock-Uterus 0.0023		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
55	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0010		
	Prostata 0.0000		
60	Sinnesorgane 0.0000		

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0138	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0093	0.0196	0.4757 2.1023
	Eierstock 0.0122	0.0078	1.5582 0.6418
10	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0054	0.6698 1.4930
	Gastrointestinal 0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0110	0.0131	0.8386 1.1924
	Haematopoetisch 0.0028	0.0378	0.0739 13.5274
	Haut 0.0348	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0099	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0106	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0061	0.0117	0.5224 1.9144
	Lunge 0.0112	0.0095	1.1851 0.8438
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0051	0.0060	0.8565 1.1675
	Niere 0.0089	0.0068	1.3025 0.7678
	Pankreas 0.0133	0.0055	2.3999 0.4167
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0095	0.0043	2.2373 0.4470
25	Uterus 0.0066	0.0071	0.9283 1.0772
	Brust-Hyperplasie 0.0109		
	Duenndarm 0.0062		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0078		

	FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0154	
	Gastrointestinal 0.0092	
	Gehirn 0.0125	
	Haematopoetisch 0.0000	
40	Herz-Blutgefaesse 0.0082	
	Lunge 0.0296	
	Niere 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust 0.0000	
50	Eierstock-Uterus 0.0046	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0210	
	Gastrointestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0114	
55	Haut-Muskel 0.0032	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0164	
	Nerven 0.0131	
	Prostata 0.0000	
60	Sinnesorgane 0.0000	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL #Haeufigkeit	TUMOR #Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase	0.0232	0.0051	4.5462 0.2200
	Brust	0.0027	0.0153	0.1747 5.7229
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895 2.5671
10	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000 undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0095	0.2036 4.9124
	Gehirn	0.0076	0.0099	0.7741 1.2918
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651 1.3069
	Herz	0.0053	0.0550	0.0963 10.3795
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447 0.9572
	Lunge	0.0037	0.0071	0.5267 1.8986
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0077	3.7798 0.2646
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025 0.7678
	Pankreas	0.0076	0.0055	1.3713 0.7292
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0024	0.0106	0.2237 4.4697
25	Uterus	0.0083	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenn darm	0.0062		
	Prostata-Hyperplasie	0.0089		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017		

		FOETUS #Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefaesse	0.0041
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0247
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN #Haeufigkeit
	Brust	0.0000
50	Eierstock-Uterus	0.0068
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0128
60	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust	0.0013	0.0131	0.1019 9.8107
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843 1.7114
10	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0068	0.0055	1.2386 0.8074
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0099	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0047	0.0000 undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025 0.7678
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0000	0.0085	0.0000 undef
25	Uterus	0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073		
	Duenndarm	0.0062		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0178		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
50	Eierstock-Uterus	0.0023
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
60	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

	NORMAL \$Haeufigkeit	TUMOR \$Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0093	0.0051	1.8185 0.5499
	Brust 0.0053	0.0196	0.2718 3.6790
	Eierstock 0.0061	0.0052	1.1686 0.8557
10	Endokrines_Gewebe 0.0073	0.0109	0.6698 1.4930
	Gastrointestinal 0.0097	0.0143	0.6786 1.4737
	Gehirn 0.0059	0.0022	2.7094 0.3691
	Haematopoetisch 0.0042	0.0378	0.1109 9.0183
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0138	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0122	0.0234	0.5224 1.9144
	Lunge 0.0012	0.0071	0.1756 5.6957
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0051	0.0120	0.4283 2.3350
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0095	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0150	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0048	0.0085	0.5593 1.7879
	Uterus 0.0050	0.0071	0.6963 1.4363
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0093		
	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0044		

	FOETUS \$Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0307
	Gastrointestinal 0.0062
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0118
40	Herz-Blutgefaesse 0.0164
	Lunge 0.0148
	Niere 0.0062
	Prostata 0.0499
	Sinnesorgane 0.0000
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN \$Haeufigkeit
	Brust 0.0000
50	Eierstock-Uterus 0.0137
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0187
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0000
55	Haut-Muskel 0.0194
	Hoden 0.0156
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0131
	Prostata 0.0321
60	Sinnesorgane 0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Brust 0.0040	0.0153	0.2621 3.8153
	Eierstock 0.0091	0.0286	0.3187 3.1376
10	Endokrines_Gewebe 0.0182	0.0327	0.5582 1.7916
	Gastrointestinal 0.0155	0.0095	1.6285 0.6141
	Gehirn 0.0127	0.0099	1.2902 0.7751
	Haematopoetisch 0.0098	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0099	0.0000	undef 0.0000
15	Herz 0.0265	0.0275	0.9634 1.0380
	Hoden 0.0061	0.0117	0.5224 1.9144
	Lunge 0.0149	0.0260	0.5746 1.7403
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0077	1.2599 0.7937
	Muskel-Skelett 0.0103	0.0060	1.7130 0.5838
20	Niere 0.0208	0.0342	0.6078 1.6452
	Pankreas 0.0019	0.0055	0.3428 2.9168
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0024	0.0106	0.2237 4.4697
	Uterus 0.0099	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0093		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0178		
	Sinnesorgane 0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0052		
	FOETUS %Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0062		
	Gehirn 0.0125		
	Haematopoetisch 0.0236		
	Herz-Blutgefaesse 0.0286		
40	Lunge 0.0074		
	Niere 0.0062		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0279		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0114		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0210		
	Gastrointestinal 0.0244		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0421		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0164		
55	Nerven 0.0050		
	Prostata 0.0064		
	Sinnesorgane 0.0155		
60			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0179	0.0000 undef
	Brust 0.0013	0.0065	0.2039 4.9053
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0008	0.0022	0.3871 2.5836
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0012	0.0047	0.2634 3.7971
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0060	0.2855 3.5025
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus 0.0083	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		

	FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Gehirn 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Niere 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust 0.0000	
50	Eierstock-Uterus 0.0046	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0064	
	Gastricintestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
55	Haut-Muskel 0.0065	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0164	
	Nerven 0.0040	
	Prostata 0.0000	
60	Sinnesorgane 0.0000	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust 0.0053	0.0153	0.3495 2.8614
	Eierstock 0.0213	0.0234	0.9089 1.1002
10	Endokrines_Gewebe 0.0182	0.0518	0.3525 2.8368
	Gastrointestinal 0.0078	0.0048	1.6285 0.6141
	Gehirn 0.0136	0.0120	1.1260 0.8881
	Haematopoetisch 0.0098	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0194	0.0000 undef
	Herz 0.0095	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0428	0.0117	3.6565 0.2735
	Lunge 0.0137	0.0142	0.9656 1.0356
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0600	0.0286 35.0255
	Niere 0.0178	0.0479	0.3721 2.6872
	Pankreas 0.0170	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0150	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0071	0.0383	0.1864 5.3637
	Uterus 0.0066	0.0071	0.9283 1.0772
25	Brust-Hyperplasie 0.0218		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0208		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0353		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0218		

	FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0154	
	Gastrointestinal 0.0123	
	Gehirn 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0039	
40	Herz-Blutgefaesse 0.0164	
	Lunge 0.0037	
	Niere 0.0185	
	Prostata 0.0249	
	Sinnesorgane 0.0140	
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust 0.0000	
50	Eierstock-Uterus 0.0434	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0210	
	Gastrointestinal 0.0366	
	Haematopoetisch 0.0000	
55	Haut-Muskel 0.0972	
	Hoden 0.0468	
	Lunge 0.0082	
	Nerven 0.0151	
	Prostata 0.0321	
60	Sinnesorgane 0.0310	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0256	0.9092	1.0998
	Brust	0.0053	0.0131	0.4077	2.4527
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
10	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0054	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0042	0.0131	0.3225	3.1004
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0125	0.0118	1.0534	0.9493
20	Magen-Speiseroehre	0.0386	0.0153	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038	0.0110	0.3428	2.9168
	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9360
	Prostata	0.0119	0.0170	0.6991	1.4303
25	Uterus	0.0099	0.0142	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0307
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0236
40	Herz-Blutgefaesse	0.0041
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0748
	Sinnesorgane	0.0000
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
50	Eierstock-Uterus	0.0205
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0128
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0057
55	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0078
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0128
60	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL *Haeufigkeit	TUMOR *Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T      T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185 0.5499
	Brust	0.0053	0.0153	0.3495 2.8614
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0143	0.2714 3.6843
	Gehirn	0.0034	0.0164	0.2064 4.8443
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000 undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0075	0.0047	1.5801 0.6329
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0180	0.1903 5.2538
	Niere	0.0059	0.0137	0.4342 2.3033
20	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428 2.9168
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593 1.7879
	Uterus	0.0066	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0073		
	Duenndarm	0.0093		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	 FOETUS *Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0031		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0079		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0062		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45	 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN *Haeufigkeit			
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0046		
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0006		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0057		
	Haut-Muskel	0.0097		
	Hoden	0.0000		
55	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0050		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T      T/N
5	Blase 0.0139	0.0102	1.3639 0.7332
	Brust 0.0080	0.0218	0.3669 2.7252
	Eierstock 0.0122	0.0182	0.6678 1.4975
10	Endokrines_Gewebe 0.0128	0.0191	0.6698 1.4930
	Gastrointestinal 0.0097	0.0286	0.3393 2.9474
	Gehirn 0.0059	0.0110	0.5419 1.8454
	Haematopoetisch 0.0280	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000 undef
	Herz 0.0127	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0122	0.0117	1.0447 0.9572
	Lunge 0.0100	0.0071	1.4046 0.7120
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0223	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0149	0.0137	1.0854 0.9213
	Pankreas 0.0133	0.0442	0.3000 3.3335
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0095	0.0128	0.7458 1.3409
25	Uterus 0.0264	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0125		
	Prostata-Hyperplasie 0.0238		
	Samenblase 0.0267		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		

	FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0123	
	Gehirn 0.0125	
	Haematopoetisch 0.0118	
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000	
	Lunge 0.0111	
	Niere 0.0309	
	Prostata 0.0249	
	Sinnesorgane 0.0000	
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust 0.0136	
50	Eierstock-Uterus 0.0274	
	Endokrines_Gewebe 0.0245	
	Foetal 0.0099	
	Gastrointestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0228	
55	Haut-Muskel 0.0324	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0082	
	Nerven 0.0131	
	Prostata 0.0000	
60	Sinnesorgane 0.0077	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0046	0.0051	0.9092 1.0998
	Brust 0.0067	0.0153	0.4368 2.2892
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0091	0.0136	0.6698 1.4930
	Gastrointestinal 0.0136	0.0143	0.9500 1.0527
	Gehirn 0.0144	0.0088	1.6450 0.6079
	Haematopoetisch 0.0070	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0099	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0042	0.0137	0.3083 3.2436
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0062	0.0095	0.6584 1.5189
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0997	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0180	0.0952 10.5076
	Niere 0.0119	0.0137	0.8683 1.1517
	Pankreas 0.0095	0.0110	0.8571 1.1667
	Penis 0.0150	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0071	0.0128	0.5593 1.7879
25	Uterus 0.0099	0.0071	1.3925 0.7181
	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0218		
	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0070		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0031
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0157
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
	Brust 0.0068
50	Eierstock-Uterus 0.0068
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0029
	Gastrointestinal 0.0366
	Haematopoetisch 0.0171
55	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0078
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0080
	Prostata 0.0064
60	Sinnesorgane 0.0077

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0204	0.0000 undef
	Brust 0.0000	0.0218	0.0000 undef
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0054	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0039	0.0048	0.8143 1.2281
	Gehirn 0.0008	0.0011	0.7741 1.2918
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0012	0.0047	0.2634 3.7971
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0110	0.0000 undef
	Penis 0.0000	0.0267	0.0000 undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		

	FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0062	
	Gehirn 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0079	
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Niere 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust 0.0136	
50	Eierstock-Uterus 0.0320	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0367	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0114	
55	Haut-Muskel 0.0065	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0164	
	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0000	
60	Sinnesorgane 0.0000	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T      T/N
5	Blase 0.0046	0.0051	0.9092 1.0998
	Brust 0.0027	0.0109	0.2446 4.0878
	Eierstock 0.0091	0.0026	3.5059 0.2852
10	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0054	0.6698 1.4930
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0017	0.0044	0.3871 2.5836
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0847	0.0000 undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0060	0.2855 3.5025
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0057	0.0110	0.5143 1.9446
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000 undef
25	Uterus 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0031		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061		

	FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0031	
	Gehirn 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0079	
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000	
	Lunge 0.0074	
	Niere 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust 0.0000	
50	Eierstock-Uterus 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0000	
55	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0050	
	Prostata 0.0128	
60	Sinnesorgane 0.0000	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0173	0.0523	0.3313 3.0187
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0024	0.0000	undef 0.0000
	Uterus 0.0066	0.0285	0.2321 4.3088
25	Brust-Hyperplasie 0.0073		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Gehirn 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Niere 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust 0.0000	
50	Eierstock-Uterus 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
55	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0128	
60	Sinnesorgane 0.0000	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T      T/N
5	Blase	0.0046	0.0051	0.9092 1.0998
	Brust	0.0013	0.0109	0.1223 8.1755
	Eierstock	0.0061	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071 2.4562
	Gehirn	0.0025	0.0066	0.3871 2.5836
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0061	0.0234	0.2612 3.8288
	Lunge	0.0025	0.0095	0.2634 3.7971
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342 2.3033
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073		
	Duenndarm	0.0031		
	Prostata-Hyperplasie	0.0089		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointenstinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefaesse	0.0082
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0185
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
	Brust	0.0068
50	Eierstock-Uterus	0.0160
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
55	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0064
60	Sinnesorgane	0.0155

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0013	0.0109	0.1223 8.1755
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0091	0.0245	0.3721 2.6874
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0017	0.0022	0.7741 1.2918
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0050	0.0024	2.1069 0.4746
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0024	0.0085	0.2797 3.5758
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0031		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0031		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0157		
40	Herz-Blutgefaesse 0.0041		
	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
50	Eierstock-Uterus 0.0068		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0128		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
55	Haut-Muskel 0.0162		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0020		
	Prostata 0.0000		
60	Sinnesorgane 0.0000		

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T      T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust	0.0080	0.0153	0.5242 1.9076
	Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686 0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0109	0.5023 1.9907
	Gastrointestinal	0.0078	0.0238	0.3257 3.0703
10	Gehirn	0.0051	0.0077	0.6635 1.5071
	Haematopoetisch	0.0140	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0099	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0050	0.0047	1.0534 0.9493
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0059	0.0068	0.8683 1.1517
20	Pankreas	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373 0.4470
	Uterus	0.0033	0.0214	0.1547 6.4632
25	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm	0.0031		
	Prostata-Hyperplasie	0.0119		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0063		
	Haematopoetisch	0.0079		
	Herz-Blutgefaesse	0.0041		
40	Lunge	0.0074		
	Niere	0.0185		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0140		
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0091		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
50	Foetal	0.0087		
	Gastrointestinal	0.0244		
	Haematopoetisch	0.0057		
	Haut-Muskel	0.0097		
	Hoden	0.0156		
55	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0030		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0697		
60				

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL #Haeufigkeit	TUMOR #Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T      T/N
5		Blase 0.0046	0.0000	undef 0.0000
		Brust 0.0000	0.0109	0.0000 undef
		Eierstock 0.0030	0.0026	1.1686 0.8557
10		Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0027	0.6698 1.4930
		Gastrointestinal 0.0039	0.0000	undef 0.0000
		Gehirn 0.0034	0.0044	0.7741 1.2918
		Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef 0.0000
		Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15		Hepatisch 0.0149	0.0000	undef 0.0000
		Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
		Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
		Lunge 0.0012	0.0000	undef 0.0000
		Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20		Muskel-Skelett 0.0017	0.0060	0.2855 3.5025
		Niere 0.0059	0.0000	undef 0.0000
		Pankreas 0.0019	0.0055	0.3428 2.9168
		Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
		Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25		Uterus 0.0033	0.0000	undef 0.0000
		Brust-Hyperplasie 0.0036		
		Duenndarm 0.0000		
		Prostata-Hyperplasie 0.0000		
		Samenblase 0.0089		
30		Sinnesorgane 0.0000		
		Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		

		FOETUS #Haeufigkeit		
35		Entwicklung 0.0000		
		Gastrointenstinal 0.0092		
		Gehirn 0.0125		
		Haematopoetisch 0.0039		
40		Herz-Blutgefaesse 0.0082		
		Lunge 0.0000		
		Niere 0.0062		
		Prostata 0.0000		
		Sinnesorgane 0.0000		
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		#Haeufigkeit		
		Brust 0.0000		
50		Eierstock-Uterus 0.0046		
		Endokrines_Gewebe 0.0490		
		Foetal 0.0058		
		Gastrointestinal 0.0000		
		Haematopoetisch 0.0000		
55		Haut-Muskel 0.0065		
		Hoden 0.0000		
		Lunge 0.0000		
		Nerven 0.0010		
		Prostata 0.0000		
60		Sinnesorgane 0.0000		

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0046	0.0665	0.0699 14.2976
	Brust 0.0080	0.0436	0.1835 5.4504
	Eierstock 0.0061	0.0234	0.2597 3.8507
	Endokrines Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal 0.0213	0.0571	0.3732 2.6795
	Gehirn 0.0008	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0194	0.0000 undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0087	0.0142	0.6145 1.6273
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0119	0.0205	0.5789 1.7275
	Pankreas 0.0133	0.0276	0.4800 2.0835
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0119	0.0106	1.1186 0.8939
	Uterus 0.0033	0.0071	0.4642 2.1544
25	Brust-Hyperplasie 0.0073		
	Duenndarm 0.0343		
	Prostata-Hyperplasie 0.0208		
	Samenblase 0.0178		
	Sinnesorgane 0.0353		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0092		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
40	Lunge 0.0037		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0476		
	Eierstock-Uterus 0.0274		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0052		
	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
55	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0064		
	Sinnesorgane 0.0000		

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust 0.0053	0.0174	0.3058 3.2702
	Eierstock 0.0061	0.0026	2.3372 0.4279
10	Endokrines_Gewebe 0.0073	0.0027	2.6791 0.3733
	Gastrointestinal 0.0097	0.0048	2.0357 0.4912
	Gehirn 0.0059	0.0055	1.0837 0.9227
	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0087	0.0071	1.2290 0.8137
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0103	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Pankreas 0.0038	0.0055	0.6857 1.4584
	Penis 0.0120	0.0267	0.4492 2.2260
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000 undef
	Uterus 0.0099	0.0142	0.6963 1.4363
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0087		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0154		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0039		
40	Herz-Blutgefaesse 0.0041		
	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0136		
50	Eierstock-Uterus 0.0046		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0082		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
55	Haut-Muskel 0.0032		
	Hoden 0.0156		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0040		
	Prostata 0.0128		
60	Sinnesorgane 0.0000		

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T      T/N
5	Blase 0.0093	0.1508	0.0616 16.2223
	Brust 0.0013	0.0392	0.0340 29.4320
	Eierstock 0.0152	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0027	0.6698 1.4930
10	Gastrointestinal 0.0174	0.0048	3.6642 0.2729
	Gehirn 0.0051	0.0055	0.9289 1.0765
	Haematopoetisch 0.0993	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0249	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000 undef
15	Herz 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0261	0.0307	0.8508 1.1753
	Magen-Speiseroehre 0.1062	0.0230	4.6197 0.2165
	Muskel-Skelett 0.0171	0.0180	0.9517 1.0508
20	Niere 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Pankreas 0.0114	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.1258	0.1600	0.7862 1.2720
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus 0.0826	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0178		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.1018		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0062		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
40	Lunge 0.0037		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0000		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	- Foetal 0.0052		
	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0000		
55	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0410		
	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0449		
	Sinnesorgane 0.0000		

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

	NORMAL #Haeufigkeit	TUMOR #Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0093	0.0051	1.8185 0.5499
	Brust 0.0013	0.0044	0.3058 3.2702
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0073	0.0109	0.6698 1.4930
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0068	0.0055	1.2386 0.8074
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000 undef
	Herz 0.0042	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0068	0.0000 undef
20	Pankreas 0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0786	0.0554	1.4198 0.7043
	Uterus 0.0033	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.1011		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	FOETUS		
	#Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0062		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
40	Lunge 0.0037		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	#Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0000		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0082		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0065		
	Hoden 0.0078		
	Lunge 0.0082		
55	Nerven 0.0030		
	Prostata 0.0128		
	Sinnesorgane 0.0000		

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 149

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T      T/N
5	B_Lymphom 0.0050	0.0136	0.3679 2.7181
	Blase 0.0078	0.0258	0.3017 3.3143
	Brust 0.0114	0.0225	0.5088 1.9654
	Dickdarm 0.0115	0.0085	1.3456 0.7432
10	Duenndarm 0.0192	0.0107	1.8036 0.5545
	Eierstock 0.0089	0.0095	0.9333 1.0715
	Endokrines_Gewebe 0.0209	0.0337	0.6195 1.6143
	Gehirn 0.0203	0.0170	1.1947 0.8371
	Haut 0.0367	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0186	0.0254	0.7324 1.3653
	Herz 0.0183	0.0137	1.3291 0.7524
	Hoden 0.0241	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0146	0.0166	0.8770 1.1402
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0128	2.2671 0.4411
20	Muskel-Skelett 0.0069	0.0074	0.9278 1.0778
	Niere 0.0157	0.0048	3.2497 0.3077
	Pankreas 0.0050	0.0221	0.2244 4.4570
	Prostata 0.0217	0.0169	1.2801 0.7812
	T_Lymphom 0.0076	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus 0.0163	0.0230	0.7068 1.4148
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0267	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0080		
	Penis 0.0161		
	Samenblase 0.0281		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
35	Gastrointestinal 0.0111		
	Gehirn 0.0063		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse 0.0107		
	Lunge 0.0108		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0124		
	Placenta 0.0303		
	Prostata 0.0499		
45	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
50	Brust 0.0000		
	Brust_t 0.0000		
	Dickdarm_t 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0253		
55	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0070		
	Gastrointestinal 0.0366		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0227		
60	Hoden_n 0.0042		
	Hoden_t 0.0000		
	Lunge_n 0.0000		
	Lunge_t 0.0000		
	Nerven 0.0090		
	Niere_t 0.0000		
65	Ovar_Uterus 0.0203		
	Prostata_n 0.0121		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 150

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	B_Lymphom 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0078	0.0117	0.6638 1.5065
	Brust 0.0088	0.0155	0.5693 1.7566
	Dickdarm 0.0211	0.0028	7.4006 0.1351
10	Duenndarm 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0119	0.0024	4.9773 0.2009
	Endokrines_Gewebe 0.0032	0.0142	0.2263 4.4181
	Gehirn 0.0035	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0257	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0279	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0071	0.0137	0.5169 1.9347
	Hoden 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0292	0.0148	1.9733 0.5068
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0064	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0269	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0165	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0141	0.0052	2.7132 0.3686
	T_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000		
	Samenblase 0.0070		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
35	Gastrointestinal 0.0056		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse 0.0036		
	Lunge 0.0145		
	Nebenniere 0.0254		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
45	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
50	Brust 0.0000		
	Brust_t 0.0000		
	Dickdarm_t 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
55	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0058		
	Gastrointestinal 0.0244		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0130		
60	Hoden_n 0.0000		
	Hoden_t 0.0000		
	Lunge_n 0.0293		
	Lunge_t 0.0000		
	Nerven 0.0020		
65	Niere_t 0.0000		
	Ovar_Uterus 0.0068		
	Prostata_n 0.0243		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 151

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T      T/N
5	B_Lymphom 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0000	0.0070	0.0000 undef
	Brust 0.0070	0.0098	0.7157 1.3973
	Dickdarm 0.0038	0.0028	1.3456 0.7432
10	Duenndarm 0.0082	0.0107	0.7730 1.2937
	Eierstock 0.0030	0.0119	0.2489 4.0182
	Endokrines_Gewebe 0.0048	0.0071	0.6790 1.4727
	Gehirn 0.0104	0.0120	0.8704 1.1489
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0046	0.0063	0.7324 1.3653
	Herz 0.0010	0.0137	0.0738 13.5431
	Hoden 0.0000	0.0118	0.0000 undef
	Lunge 0.0010	0.0055	0.1754 5.7011
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0064	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0086	0.0148	0.5799 1.7246
	Niere 0.0112	0.0193	0.5803 1.7232
	Pankreas 0.0017	0.0055	0.2992 3.3427
	Prostata 0.0057	0.0117	0.4823 2.0732
	T_Lymphom 0.0000	0.0149	0.0000 undef
25	Uterus 0.0015	0.0092	0.1606 6.2251
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0080		
	Penis 0.0027		
	Samenblase 0.0070		
30	Sinnesorgane 0.0235		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
35	Gastrointestinal 0.0028		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0145		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0061		
45	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
50	Brust 0.0000		
	Brust_t 0.0000		
	Dickdarm_t 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
55	Eierstock_t 0.0101		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0006		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
60	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden_n 0.0125		
	Hoden_t 0.0000		
	Lunge_n 0.0195		
	Lunge_t 0.0000		
65	Nerven 0.0100		
	Niere_t 0.0000		
	Ovar_Uterus 0.0068		
	Prostata_n 0.0121		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 152

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T      T/N
5	B_Lymphom	0.0250	0.0136	1.8395 0.5436
	Blase	0.0078	0.0070	1.1063 0.9039
	Brust	0.0097	0.0211	0.4592 2.1776
	Dickdarm	0.0192	0.0057	3.3639 0.2973
10	Duenndarm	0.0055	0.0213	0.2577 3.8812
	Eierstock	0.0178	0.0143	1.2443 0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0177	0.2716 3.6818
	Gehirn	0.0191	0.0269	0.7092 1.4100
	Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0046	0.0063	0.7324 1.3653
	Herz	0.0233	0.0275	0.8491 1.1777
	Hoden	0.0161	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0156	0.0129	1.2028 0.8314
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0192	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0074	1.1597 0.8623
	Niere	0.0090	0.0096	0.9285 1.0770
	Pankreas	0.0083	0.0387	0.2137 4.6798
	Prostata	0.0057	0.0091	0.6202 1.6125
	T_Lymphom	0.0076	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus	0.0044	0.0000	undef 0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0246	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0094		
	Penis	0.0107		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0118		
			FOETUS	
			%Haeufigkeit	
			Entwicklung	0.1253
35	Gastrointestinal	0.0305		
	Gehirn	0.0938		
	Haematopoetisch	0.0275		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0142		
	Lunge	0.0325		
	Nebenniere	0.0254		
	Niere	0.0185		
	Placenta	0.0242		
45	Prostata	0.0249		
	Sinnesorgane	0.1255		
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
			%Haeufigkeit	
50	Brust	0.0816		
	Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
55	Eierstock_t	0.0354		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0741		
	Gastrointestinal	0.0366		
	Haematopoetisch	0.0000		
60	Haut-Muskel	0.1458		
	Hoden_n	0.0000		
	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0098		
	Lunge_t	0.0000		
65	Nerven	0.0191		
	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus	0.0248		
	Prostata_n	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0155		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 153

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T      T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0026	0.0141	0.1879 5.3230
	Dickdarm	0.0000	0.0057	0.0000 undef
10	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000 undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000 undef
	Herz	0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0039	0.0018	2.1049 0.4751
	Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0022	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0009	0.0013	0.7235 1.3821
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus	0.0015	0.0000	undef 0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0000		
	Penis	0.0054		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0071		
	Lunge	0.0036		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
45	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000		
	Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
55	Eierstock_t	0.0051		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0257		
60	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden_n	0.0000		
	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0000		
	Lunge_t	0.0000		
65	Nerven	0.0010		
	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus	0.0023		
	Prostata_n	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 154

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T    T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Blase 0.0156	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0079	0.0112	0.7045 1.4195
	Dickdarm 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0027	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock 0.0119	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0016	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0029	0.0060	0.4835 2.0680
	Haut 0.0147	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0093	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0112	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0097	0.0074	1.3155 0.7601
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0051	0.0037	1.3917 0.7186
	Niere 0.0112	0.0048	2.3212 0.4308
	Pankreas 0.0116	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0057	0.0000	undef 0.0000
	T_Lymphom 0.0025	0.0075	0.3381 2.9576
25	Uterus 0.0044	0.0046	0.9638 1.0375
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0048	0.0304	0.1578 6.3369
30	Haematopoetisch 0.0027		
	Penis 0.0080		
	Samenblase 0.0070		
	Sinnesorgane 0.0235		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0083		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
40	Hepatisch 0.0260		
	Herz-Blutgefaesse 0.0036		
	Lunge 0.0217		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
45	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
50	Brust 0.0000		
	Brust_t 0.0000		
	Dickdarm_t 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
55	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0185		
	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0000		
60	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden_n 0.0042		
	Hoden_t 0.0000		
	Lunge_n 0.0000		
	Lunge_t 0.0000		
65	Nerven 0.0050		
	Niere_t 0.0000		
	Ovar_Uterus 0.0000		
	Prostata_n 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 155

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef 0.0000
	Blase	0.0156	0.0047	3.3190 0.3013
	Brust	0.0035	0.0197	0.1789 5.5892
	Dickdarm	0.0096	0.0085	1.1213 0.8918
10	Duenndarm	0.0110	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0059	0.0048	1.2443 0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0124	0.6467 1.5464
	Gehirn	0.0058	0.0010	5.8026 0.1723
	Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000 undef
	Herz	0.0122	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0201	0.0118	1.6964 0.5895
	Lunge	0.0010	0.0074	0.1316 7.6015
	Magen-Speiseroehre	0.0217	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0074	0.6958 1.4371
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0116	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0047	0.0065	0.7235 1.3821
	T_Lymphom	0.0101	0.0075	1.3525 0.7394
25	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638 1.0375
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0304	0.1578 6.3369
	Haematopoetisch	0.0040		
	Penis	0.0134		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278		
35	Gastrointestinal	0.0056		
	Gehirn	0.0063		
	Haematopoetisch	0.0118		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0142		
	Lunge	0.0108		
	Nebenniere	0.0254		
	Niere	0.0124		
	Placenta	0.0061		
45	Prostata	0.0499		
	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000		
	Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0101		
55	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0185		
	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0194		
60	Hoden_n	0.0125		
	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0000		
	Lunge_t	0.0000		
	Nerven	0.0141		
65	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus	0.0135		
	Prostata_n	0.0121		
	Sinnesorgane	0.0077		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 156

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T    T/N
5	B_Lymphom 0.0075	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0000	0.0188	0.0000 undef
	Brust 0.0026	0.0056	0.4697 2.1292
	Dickdarm 0.0038	0.0000	undef 0.0000
10	Duenndarm 0.0055	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0059	0.0048	1.2443 0.8036
	Endokrines_Gewebe 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0017	0.0030	0.5803 1.7234
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0046	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0051	0.0137	0.3692 2.7086
	Hoden 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0049	0.0129	0.3759 2.6605
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0037	0.4639 2.1557
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0017	0.0110	0.1496 6.6855
	Prostata 0.0000	0.0013	0.0000 undef
	T_Lymphom 0.0051	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus 0.0148	0.0046	3.2128 0.3113
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0053		
30	Penis 0.0027		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0353		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0118		
	Haut 0.0000		
40	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0072		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0124		
45	Placenta 0.0242		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
50	Brust 0.0000		
	Brust_t 0.0000		
	Dickdarm_t 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
55	Endokrines_Gewebe 0.0245		
	Foetal 0.0151		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0259		
60	Hoden_n 0.0000		
	Hoden_t 0.0000		
	Lunge_n 0.0195		
	Lunge_t 0.0000		
	Nerven 0.0090		
65	Niere_t 0.0000		
	Ovar_Uterus 0.0135		
	Prostata_n 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 157

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	B_Lymphom 0.0100	0.0136	0.7358 1.3590
	Blase 0.0000	0.0070	0.0000 undef
	Brust 0.0106	0.0141	0.7515 1.3308
	Dickdarm 0.0057	0.0114	0.5046 1.9818
10	Duenndarm 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0208	0.0215	0.9678 1.0333
	Endokrines_Gewebe 0.0193	0.0408	0.4724 2.1170
	Gehirn 0.0087	0.0110	0.7913 1.2638
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0190	0.0000 undef
	Herz 0.0101	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0361	0.0118	3.0535 0.3275
	Lunge 0.0117	0.0185	0.6315 1.5836
	Magen-Speiseroehre 0.0072	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0369	0.0464 21.5570
	Niere 0.0201	0.0337	0.5969 1.6754
	Pankreas 0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0132	0.0247	0.5331 1.8758
	T_Lymphom 0.0177	0.0299	0.5917 1.6900
25	Uterus 0.0059	0.0046	1.2851 0.7781
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0219	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0094		
	Penis 0.0161		
	Samenblase 0.0070		
30	Sinnesorgane 0.0353		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0139		
35	Gastrointestinal 0.0167		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0142		
40	Lunge 0.0036		
	Nebenniere 0.0254		
	Niere 0.0185		
	Placenta 0.0061		
45	Prostata 0.0249		
	Sinnesorgane 0.0126		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
50	Brust 0.0000		
	Brust_t 0.0000		
	Dickdarm_t 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0203		
55	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0209		
	Gastrointestinal 0.0366		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0972		
60	Hoden_n 0.0251		
	Hoden_t 0.0000		
	Lunge_n 0.0098		
	Lunge_t 0.0000		
	Nerven 0.0151		
	Niere_t 0.0000		
	Ovar_Uterus 0.0450		
	Prostata_n 0.0303		
	Sinnesorgane 0.0310		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 158

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	B_Lymphom 0.0075	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0156	0.0070	2.2127 0.4519
	Brust 0.0088	0.0155	0.5693 1.7566
	Dickdarm 0.0077	0.0057	1.3456 0.7432
	Duenndarm 0.0082	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock 0.0000	0.0024	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0016	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0041	0.0209	0.1934 5.1701
	Haut 0.0147	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0190	0.0000 undef
	Herz 0.0041	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0120	0.0118	1.0178 0.9825
	Lunge 0.0146	0.0055	2.6311 0.3801
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0051	0.0148	0.3479 2.8743
	Niere 0.0045	0.0096	0.4642 2.1540
	Pankreas 0.0017	0.0055	0.2992 3.3427
	Prostata 0.0047	0.0065	0.7235 1.3821
	T_Lymphom 0.0051	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus 0.0163	0.0276	0.5890 1.6977
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0053		
	Penis 0.0107		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
35	Gastrointestinal 0.0028		
	Gehirn 0.0063		
	Haematopoetisch 0.0118		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse 0.0036		
	Lunge 0.0000		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0124		
	Placenta 0.0061		
45	Prostata 0.0499		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
50	Brust 0.0000		
	Brust_t 0.0000		
	Dickdarm_t 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
55	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0041		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0257		
60	Haut-Muskel 0.0194		
	Hoden_n 0.0000		
	Hoden_t 0.0000		
	Lunge_n 0.0098		
	Lunge_t 0.0000		
65	Nerven 0.0060		
	Niere_t 0.0000		
	Ovar_Uterus 0.0068		
	Prostata_n 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 159

		NORMAL \$Haeufigkeit	TUMOR \$Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0407	0.1226 8.1542
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000 undef
	Brust	0.0097	0.0098	0.9840 1.0162
	Dickdarm	0.0077	0.0171	0.4485 2.2295
10	Duenndarm	0.0055	0.0107	0.5153 1.9406
	Eierstock	0.0089	0.0072	1.2443 0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0106	0.6036 1.6568
	Gehirn	0.0075	0.0090	0.8382 1.1931
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0080	0.0059	1.3571 0.7369
	Lunge	0.0068	0.0055	1.2278 0.8144
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0045	0.0096	0.4642 2.1540
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0066	0.0013	5.0646 0.1974
	T_Lymphom	0.0101	0.0075	1.3525 0.7394
25	Uterus	0.0044	0.0230	0.1928 5.1876
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0041	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0147		
	Penis	0.0027		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
			FOETUS	
			\$Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointestinal	0.0028		
	Gehirn	0.0063		
	Haematopoetisch	0.0079		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0036		
	Lunge	0.0072		
	Nebenniere	0.0254		
	Niere	0.0247		
	Placenta	0.0121		
45	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0126		
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
			\$Haeufigkeit	
50	Brust	0.0000		
	Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
55	Eierstock_t	0.0203		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0087		
	Gastrointestinal	0.0244		
	Haematopoetisch	0.0257		
60	Haut-Muskel	0.0097		
	Hoden_n	0.0209		
	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0000		
	Lunge_t	0.0000		
65	Nerven	0.0030		
	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus	0.0090		
	Prostata_n	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0774		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 160

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T      T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Blase 0.0078	0.0023	3.3190 0.3013
	Brust 0.0009	0.0084	0.1044 9.5814
	Dickdarm 0.0057	0.0000	undef 0.0000
10	Duenndarm 0.0027	0.0107	0.2577 3.8812
	Eierstock 0.0030	0.0048	0.6222 1.6073
	Endokrines_Gewebe 0.0016	0.0018	0.9054 1.1045
	Gehirn 0.0041	0.0040	1.0155 0.9848
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0186	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0037	0.4639 2.1557
	Niere 0.0045	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0055	0.2992 3.3427
	Prostata 0.0009	0.0000	undef 0.0000
	T_Lymphom 0.0076	0.0075	1.0143 0.9859
25	Uterus 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0041	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0040		
	Penis 0.0080		
	Samenblase 0.0070		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
35	Gastrointestinal 0.0111		
	Gehirn 0.0125		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse 0.0071		
	Lunge 0.0000		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0062		
	Placenta 0.0121		
45	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
50	Brust 0.0000		
	Brust_t 0.0000		
	Dickdarm_t 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0101		
55	Endokrines_Gewebe 0.0490		
	Foetal 0.0058		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0065		
60	Hoden_n 0.0000		
	Hoden_t 0.0000		
	Lunge_n 0.0000		
	Lunge_t 0.0000		
	Nerven 0.0020		
65	Niere_t 0.0000		
	Ovar_Uterus 0.0045		
	Prostata_n 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 161

	NORMAL #Haeufigkeit	TUMOR #Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	B_Lymphom 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0078	0.0047	1.6595 0.6026
	Brust 0.0009	0.0084	0.1044 9.5814
	Dickdarm 0.0000	0.0000	undef undef
10	Duenndarm 0.0000	0.0107	0.0000 undef
	Eierstock 0.0000	0.0048	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0064	0.0106	0.6036 1.6568
	Gehirn 0.0058	0.0050	1.1605 0.8617
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0190	0.0000 undef
	Herz 0.0041	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0040	0.0118	0.3393 2.9475
	Lunge 0.0039	0.0018	2.1049 0.4751
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0022	0.0048	0.4642 2.1540
	Pankreas 0.0050	0.0055	0.8975 1.1142
	Prostata 0.0848	0.0651	1.3023 0.7679
	T_Lymphom 0.0076	0.0075	1.0143 0.9859
25	Uterus 0.0059	0.0046	1.2851 0.7781
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0041	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0027		
	Penis 0.0027		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	FOETUS		
	#Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
35	Gastrointestinal 0.0056		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0036		
	Nebenniere 0.0507		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0121		
45	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	#Haeufigkeit		
50	Brust 0.0000		
	Brust_t 0.0000		
	Dickdarm_t 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
55	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0104		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
60	Haut-Muskel 0.0097		
	Hoden_n 0.0084		
	Hoden_t 0.0000		
	Lunge_n 0.0000		
	Lunge_t 0.0000		
65	Nerven 0.0050		
	Niere_t 0.0000		
	Ovar_Uterus 0.0000		
	Prostata_n 0.0546		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 201

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Brust 0.0027	0.0305	0.0874 11.4458
	Eierstock 0.0030	0.0833	0.0365 27.3828
10	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0109	0.1674 5.9721
	Gastrointestinal 0.0000	0.0048	0.0000 undef
	Gehirn 0.0576	0.0548	1.0528 0.9499
	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0099	0.1693	0.0587 17.0262
15	Hepatisch 0.0446	0.1812	0.2459 4.0660
	Herz 0.0138	0.0137	1.0020 0.9980
	Hoden 0.0000	0.1052	0.0000 undef
	Lunge 0.0087	0.0851	0.1024 9.7640
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0230	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0274	0.2820	0.0972 10.2887
	Niere 0.3448	0.4245	0.8123 1.2311
	Pankreas 0.1268	0.0387	3.2814 0.3047
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000 undef
	Uterus 0.0033	0.0427	0.0774 12.9263
25	Brust-Hyperplasie 0.0073		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.1958		

	FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0922	
	Gastrointenstinal 0.0247	
	Gehirn 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0079	
40	Herz-Blutgefaesse 0.0123	
	Lunge 0.0037	
	Niere 0.0062	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.1815	
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust 0.0000	
50	Eierstock-Uterus 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0134	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
55	Haut-Muskel 0.0032	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0164	
	Nerven 0.0231	
	Prostata 0.0064	
60	Sinnesorgane 0.0310	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 202

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0792	0.0000	undef
	Brust 0.0040	0.0261	0.1529	6.5404
	Eierstock 0.0091	0.0156	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
10	Gastrointestinal 0.0174	0.0143	1.2214	0.8187
	Gehirn 0.0000	0.0044	0.0000	undef
	Haematopoetisch 0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0198	0.0647	0.3061	3.2673
15	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0224	0.0118	1.8962	0.5274
	Magen-Speiserhoehe 0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
20	Pankreas 0.0019	0.0331	0.0571	17.5010
	Penis 0.0060	0.0800	0.0749	13.3560
	Prostata 0.0095	0.0064	1.4915	0.6705
	Uterus 0.0017	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenndarm 0.0031			
	Prostata-Hyperplasie 0.0119			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointenstinal 0.0092			
	Gehirn 0.0063			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
40	Lunge 0.0259			
	Niere 0.0062			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0068			
50	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0274			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
55	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0410			
	Nerven 0.0000			
	Prostata 0.0064			
	Sinnesorgane 0.0000			

## 2.2 Fisher-Test

- Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.
- Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

## 15 Beispiel 3

### Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

- 20 Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:
1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
  - 25 2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
  - 30 3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen  $C_i$  ( $i$ : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if  $H_0$  Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while  $C_i > C_{i-1}$ ; Abbruchkriterium II).

45 Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplett oder annähernd komplett Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Brusttumorgewebe gefunden werden.  
50 Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen

Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der 5 vorliegenden Erfindung.

#### Beispiel 4

##### Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

10 Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die 15 Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert ([http://www.stanford.edu/RH/rhserver\\_form2.html](http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html)). Dieses 20 Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" - Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.  
Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch 25 verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei 30 eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).  
35

#### 40 Beispiel 5: Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klonen)

Die den differentiellen cDNAs entsprechenden genomischen Sequenzen wurden aus kommerziellen BAC-Bibliotheken isoliert. Verwendet wurden BAC-Bibliotheken von der 45 Firma Genome Systems, St. Louis MO, die aus humanen Lymphozyten hergestellt wurden (<http://www.genomesystems.com>) und solche der Firma Research Genetics, die wie folgt beschrieben wurden: Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797; <http://www.tree.caltech.edu/>. Aus diesen Bibliotheken wurden die BAC-Klonen mit der 50 Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei diesem Verfahren wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom) in

verschiedene Gruppen (pools) kombiniert. Dies geschieht in einer solchen Weise, daß nach der Durchführung einer genspezifischen PCR in den verschiedenen Pools eine eindeutige Klon-Zuordnung möglich ist. Diese Adresse zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Kline eindeutig fest.

5 Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne diese darauf zu beschränken.

10 Die verwendete Bibliotheken von Genome Systems waren CITB B und CITB C. Klone aus der Bibliothek von Genome Systems sind unterstrichen.

Brust Tumor

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs				
3	431/F/22	461/J/18	276/D/4	360/G/5	276/D/5
7	241/D/11				
9	<u>13/M/23</u>	<u>102/H/20</u>	<u>210/O/17</u>	<u>278/B/10</u>	<u>278/B/20</u>
10	319/P/11	492/J/15			
23	565/E/8				
25	<u>38/D/4</u>	<u>60/B/17</u>	<u>70/K/14</u>		
39	425/C/18				
42	221/L/9	407/M/9			
43	233/F/11	411/C/6	411/C/8	461/C/20	
45	557/D/15				
58	222/C/8	431/O/16			

TABELLE I

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomal Lokalisation	Marker
2	im Brusstumor überexprimiert	Ein 17-kDa Interferon-induziertes Gen über dessen Funktion nichts publiziert ist.	2x "UBIQUITIN_2"	670	1p36.31-p36.32	stSG29288 (D1S243-D1S468)
3	im Brusstumor überexprimiert	Vermutlich das humane Ortholog des 5E5-Antigens der Ratte, hierbei handelt es sich wahrscheinlich um einen Transkriptionsfaktor.		1845	19q13.2	SHGC-11892 (SHGC-5919-D19S1071)
4	im Brusstumor überexprimiert	Das humane "alpha-2-macroglobulin receptor-associated protein" gehört zu einem "Proteinase-Scavenging-System", das Proteinase-Aktivität abfährt.		1499	4p16.3	D4S412-D4S2925
5	im Brusstumor überexprimiert	Das humane "macrophage migration inhibition factor related protein 14 (MRP-14)" spielt wahrscheinlich eine Rolle bei der Immunmodulation.	"EF_HAND_2"	688	1q21.2-q21.3	WI-6071 (D1S305-D1S635)
6	im Brusstumor überexprimiert	Das humane Lamin B2 ( <i>LAMB2</i> ) bildet u.a. die nukleäre Lamina, welche unterhalb der inneren Zellmembran des Zellkerns liegt. Sie spielt eine wichtige Rolle bei der Regulation der Kernstruktur während des Zellzyklus und der Transkription.		909	19p13.3	D19S886-D19S216

S q. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomal Lokalisation	Marker
7	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich die regulatorische Untereinheit eines RNA- bindenden Proteins, über dessen Funktion noch nichts publiziert wurde.		930	1p36.23-p36.31	D1S253- D1S450
8	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Antioxidant Enzym AOE37-2, welches vermutlich eine Peroxidase darstellt (Peroxiredoxin- Familie). Diese schützen die Zelle vor oxidativen Prozessen.	"AhpC-TSA"	989	unbekannt	unbekannt
9	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		2017	8p12-p11.23	AFM023xc1 alias D8S255 (WI-7590- SHGC- 5722)
11	im Brusttumor überexprimiert	Das humane "macrophage capping protein", neuerdings "CapG" genannt, reguliert über die Aktine die Zellbeweglichkeit.	"Gelsolin"	1365	2p11.2-2p12	D2S289- D2S388
12	im Brusttumor überexprimiert	Ein Östrogen-induzierbares Gen (LIV-1), dessen Funktion noch nicht verstanden ist.		1597	18q12.2-q12.3	WI-14709
13	im Brusttumor überexprimiert	Die humane "integrin-linked kinase (ILK)" steuert den Zusammenbau der Fibrinogen-Matrix und hemmt die Synthese von E-Cadherin. ILK- überexprimierende Zellen erzeugen Tumoren in Nacktmäusen.	3x "ank"; 2x "pinase"	1780	11p15.3-15.5	D11S1318- D11S1338

S q. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
14	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt, humanes HISTONE H2B2	"histone" ; "Arch_histone"	8926p21.2-p22.3	D6276- D6S439	
15	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich das humane Ortholog des Enhancers des Drosophila "rudimentary"-Gens ("human enhancer of rudimentary homolog"); es spielt möglicherweise eine Rolle im Pyrimidin-Stoffwechsel.	"ER"	99214q22.3-q24.1	D14S63- D14S251 (SHGC- 33845- SHGC- 36869)	
16	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Tim23 ist im Proteintranslokase-Komplex der inneren mitochondrialen Membran lokalisiert.		119610p15.1-q11.23	sISG1413 ,D10S604- D10S220	
17	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich ein neues Ca2+-bindendes Protein.	"S_100"	1105unbekannt	unbekannt	
18	im Brusttumor überexprimiert	Ein neues humanes Gen mit Ähnlichkeit zu Maus "synaptosomal associated protein".		20067p12.1	D7S499- D7S2429	
19	im Brusttumor überexprimiert	Das humane ITTF ("intestinal trefoil factor").	"trefoil"	83421q22.3	D21S1887 (D21S1259- D21S1260)	
20	im Brusttumor überexprimiert	Der humane RNA polymerase II Transkriptionsfaktor.		765unbekannt	unbekannt	
21	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		779unbekannt	unbekannt	
22	im Brusttumor überexprimiert	Die humane JAK1 Tyrosinkinase.	"pkinase"	23271p31.1-p32.1	T29761 (D1S203- D1S2865)	

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
23	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		9114p11	SHGC4-959 (D4S774- SHGC4- 1002)	
24	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		595	unbekannt	unbekannt
25	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		88618q23		SHGC- 30832 (SHGC- 32075- SHGC- 17251)
27	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt			168421q21.3-q22.12	A006Y36 (D21S260- D21S261)
29	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Ribonuklease 6- Vorläufer-Molekül.	"ribonuclease_T2"		12496q26-q27	D6S264- D6S1697
30	im Brusttumor überexprimiert	Das humane 80K-L Protein (auch MARCKS), ein Substrat der Protein-Kinase C. MARCKS bindet Calmodulin, Actin und Synapsin.			30706q21	SHGC- 13147 (SHGC- 31123- AFM059xh8 )
31	im Brusttumor überexprimiert	Das humane BCL-X, ein Apoptosis- Regulator.			27511p21.1	SHGC- 32538; D1S2865- D1S418

<b>Seq. ID Nr.</b>	<b>Expression</b>	<b>Funktion</b>	<b>Modul</b>	<b>Länge der angemeldeten Sequenz (bp)</b>	<b>Chromosomale Lokalisation</b>	<b>Marker</b>
33	im Brusstumor überexprimiert	Der humane Benzodiazepin-Rezeptor.		890	22q13.33	PC106 (SHGC- 7735- PH130)
35	im Brusstumor überexprimiert	Die humane Ubiquinon Oxidoreduktase.		693	5p13.1-q11.2	sts-H45672 (D5S628- D5S474)
36	im Brusstumor überexprimiert	Eine neue ATPase, welche zur Familie der Kinesine gehört.		1054	unbekannt	unbekannt
37	im Brusstumor überexprimiert	Der Monocyte/Macrophagen "Ig- related receptor MIR-7".		541	12q14.2-q14.3	SHGC- 33073 (SHGC- 35867- D12S1722)
38	im Brusstumor überexprimiert	unbekannt		1187	unbekannt	unbekannt
39	im Brusstumor überexprimiert	Eine neue putative Serin- /Threoninkinase.	"proteinase"; "okinase C"	2281	6q22.33	WI-13202
40	im Brusstumor überexprimiert	Das putatives Kupfer-Aufnahme Protein hCTR2.		1759	9q31.3-q32	WI-11879
41	im Brusstumor überexprimiert	Die humane Alpha Galaktosidase A.		1447	Xq22.2-q23	DXS1231- DXS1059
42	im Brusstumor überexprimiert	unbekannt		831	1q32.1-1q32.2	AFMa082wf 9 (SHGC- 12033- AFM224xc1 )

<b>Ser. ID Nr.</b>	<b>Expression</b>	<b>Funktion</b>	<b>Modul</b>	<b>Länge der angemeldeten Sequenz (bp)</b>	<b>Chromosomale Lokalisation</b>	<b>Marker</b>
43	im Brusttumor überexprimiert	Diese neue Sequenz hat eine gewisse Homologie zur Benzoat-Coenzym A Ligase.		528	17q21.33	SHGC-31935 (NIB1385- SHGC-30378)
44	im Brusttumor überexprimiert	7TM-Protein		1027	22q13.33	AFMb040xd 1 (SHGC- 11380- AFMa151xe 9)
45	im Brusttumor überexprimiert	Die humane Phosphatase 2A B56 (PP2A).		2160	1q32.2-q32.3	WI-7329 (AFM203zb 6- AFM156xg7 )
46	im Brusttumor überexprimiert	HUMANES Homologes zu einem Maus co-Chaperonin; Hs.24930; Homo sapiens cofactor A protein mRNA		642	unbekannt	unbekannt
47	im Brusttumor überexprimiert	Homolog zu einem imprinted Gen von Chromosom 11; Hs.110222		1415	1q32. 1	sts-F17262 (D1S2622- D1S306)
48	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich das humane Ortholog einer "HELICASE" ATP-abhängigen RNA-Helicase.		2949	10q26.11	AFM200yh6 (SHGC- 13473- AFMb021zd 1)
49	im Brusttumor überexprimiert	Kopplungsfaktor F6 ist eine Komponente der mitochondrialen ATP-Synthase, welcher für die Interaktion des katalytischen und protonenübertragenden Segments erforderlich ist; Hs.73851		665	unbekannt	unbekannt

<b>Seq. ID Nr.</b>	<b>Expression</b>	<b>Funktion</b>	<b>Modul</b>	<b>Länge der angemeldeten Sequenz (bp)</b>	<b>Chromosomale Lokalisation</b>	<b>Marker</b>
50	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		904	5p15.31-15.33	D5S426- D5S455
51	im Brusttumor überexprimiert	neue humane ATPase		1239	9q32	ATC7 (SHGC- 8827- SHGC- 14379)
52	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt; Hs.10927		966	19p13.3-p13.2	sisSG8216 (PTEL- D19S413)
53	im Brusttumor überexprimiert	Homologes zum NAG-2 Gen; Hs.26518	"transmembrane4"	556	11p15.3-p15.5	sis-W47645 (D11S1318- D11S909)
54	im Brusttumor überexprimiert	Arginin Methyltransferase; Hs.20521	"SAM_BIND"	1349	19q13.13- q13.33	D66904 (D19S425- D19S418)
55	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt; Hs.5241		2021	17q11.2-17q12	sis-F18808 (D17S933- D17S800)
56	im Brusttumor überexprimiert	Stromelysin	"hemopexin"	900	22q11.23-q12.1	D22S446- D22S419 (SHGC- 2886- SHGC- 338862)

S. q. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
57	im Brusttumor überexprimiert	humane GTP bindendes Protein		1212	Yp11.3 bzw. Xp22.33- xp22.32	SHGC-5419 alias DXYS153 (DYS290- DXYS136)
58	im Brusttumor überexprimiert	Homologes zu Prostata bindendem Protein, Untereinheit C-1	"Uteroglobin"	494	11p11.2-q13.1	GATA8A08- SHGC- 31731
59	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt	"Ribosomal L21p"	729	12q14.1	D12S335
61	im Brusttumor überexprimiert	Glucose-6-phosphate dehydrogenase Homolog	2x "MPDH"	1315	14q11.1-q11.2	SHGC-11217 (SHGC- 31972- AFM084ya1)
62	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt	"NLS_BP"	2011	16q12.1	SHGC- 34581 (D16S3363 E- D16S3334)
63	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		2009	1p21.1	SHGC- 32788
64	im Brusttumor überexprimiert	Ets Transkriptionsfaktor	"Ets"	2269	1q32.2	unbekannt
65	im Brusttumor überexprimiert	IL13 Rezeptor alpha-1 Kette		1874	Xq23	SHGC- 37555

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomal Lokalisation	Marker
66	im Brusttumor überexprimiert	Inhibition der Zellteilung und der Makrophagen Aktivität. Protein- Kinasen Inhibitor		687	1q21.2-q21.3	D1S305- D1S2635
67	im Brusttumor überexprimiert	möglicherweise eine Dehydrogenase		1528	unbekannt	unbekannt
149	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 4		1624	4p16.3	D4S412- D4S2925
150	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 9		1756	8p12-p11.23	AFM023xc1 alias D8S255 (WI-7590- SHGC- 5722)
151	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 25		1638	18q23	SHGC- 30832 (SHGC- 32075- SHGC- 17251)
152	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 27		2589	21q21.3-q22.12	A006Y36 (D21S260- D21S261)

<b>Seq. ID Nr.</b>	<b>Expression</b>	<b>Funktion</b>	<b>Modul</b>	<b>Länge der angemeldeten Sequenz (bp)</b>	<b>Chromosomale Lokalisation</b>	<b>Marker</b>
153	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 44		2963	22q13.33	AFMb040xd (SHGC- 11380- AFMa151xe 9)
154	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 45		3234	1q32.2-q32.3	WI-7329 (AFM203zb 6- AFM156xg7 )
155	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 48		3080	10q26.11	AFM200yh6 (SHGC- 13473- AFMb021zd 1)
156	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 50		2407	5p15.31-15.33	D5S426- D5S455
157	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 51		1625	9q32	ATC7 (SHGC- 8827- SHGC- 14379)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
158	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 53		1402	11p15.3-p15.5	sts-W47645 (D11S1318- D11S909)
159	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 62		2159	16q12.1	SHGC- 34581 (D16S3363 E- D16S3334)
160	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 63		2795	1p21.1	SHGC- 32788
161	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 67		1711	unbekannt	unbekannt
201	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Osteopontin.	"Osteopontin"	1712	4q21.23-q22.1	D4S1542
202	im Brusttumor überexprimiert	Proteoglycan		1610	2p23.1-23.2	D2S387 (D2S171- D2S320)

TABELLE II

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz (ORF's) Seq. ID. No.
3	71
9	72 73 74 75 76
14	77
16	78
17	79
18	81
19	82
20	83
21	84 85 86 87
23	88 89
24	90
25	91
27	92 93
29	94
31	95 96 97 98
33	99 100
35	101
36	102
38	103
39	104
40	105
41	106
42	107
43	108 109 110
44	111 112 113
46	114
47	115 116
48	117
49	118 119
50	120
51	121
52	123
53	126
54	128
55	129 130 131 132 133
56	134 135
57	136
58	137
59	138 139
61	140
62	141
63	142 143 144
64	145
66	146
67	147
149	162 163 164

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz (ORF's) Seq. ID. No.		
150	165	166	167
151	168		
152	172		
153	174		
154	177	178	179
155	180		
156	183	184	185
157	187		
158	190		
159	192	193	194
160	195	196	197
161	198		

Die erforderlichen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No 71-148, 162-200 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

### **Sequenzprotokoll**

#### **(1) ALLGEMEINE INFORMATION:**

##### **(i) ANMELDER:**

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1672
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1671

**(ii) TITEL DER ERFINDUNG:** Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Brusttumorgewebe

**(iii) Anzahl der Sequenzen:** 143

##### **(iv) COMPUTER READABLE FORM:**

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

#### **(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:**

##### **(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:**

- (A) LÄNGE: 670 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

**(ii) MOLEKÜLTYP:** aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

**(iii) HYPOTHETISCH:** NEIN

**(iii) ANTI-SENSE:** NEIN

##### **(vi) HERKUNFT:**

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

##### **(vii) SONSTIGE HERKUNFT:**

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2 :

```

atagggccgg tgcgtcctgc ggaagccggc ggctgagagg cagcgaactc atcttgcca 60
gtacaggagc tcgtccgtg gcccacagcc cacagccac agccatggc tggacactga 120
cggtgaagat gctggccggc aacgaattcc aggtgtccct gagcagctcc atgtcggtgt 180
cagagctgaa ggcgcagatc acccagaaga tcggcgtca cgccttccag cagcgtctgg 240
ctgtccaccc gagcgggtgtg ggcgtgcagg acagggtccc cttgcccagc cagggcctgg 300
gccccggcag cacggtcctg ctgggtgtgg acaaatgcga cgaacctctg agcatcctgg 360
tgaggaataa caagggccgc agcagcacct acgaggtgcg gctgacgcag accgtggccc 420
acctgaagca gcaagtggc gggctggagg gtgtgcagga cgacactgttc tggctgacct 480
tcgaggggaa gcccctggag gaccagctcc cgctggggga gtacggccctc aagcccctga 540
gcaccgtgtt catgaatctg cgcctgcggg gagggcgcac agagcctggc gggccggagct 600
aagggcctcc accagcatcc gagcaggatc aaggggccgga aataaaaggct gttgtaaaga 660
aaaaaaaaaa 670

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1845 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

```

ggtgccgtca cgggacagag cagtcggta caggacagag cagtcggta cgggacacag 60
tggtttgta cgggacagag cggcgtca cggctcaag ggcttcagca ccgcgcctt 120
ggcagagcca gaccgactca gattcagact ctgaggggagg agccgcgtgt ggagaaggcag 180
acatggactt cctgcggAAC ttattctccc agacgctcaag cctggggcagc cagaaggagc 240
gtctgttggc ctagctgacc ttggaaagggg tgccccggta catgcagagc gaacgctgtc 300
gcagagtcat ctgttttgtg ggagctggaa tctccacatc cgcaggcata cccgactttc 360
gtcttccatc caccggccctc tatgacaacc tagagaagta ccattttccc taccaggagg 420
ccatctttaa gatcagctat ttcaagaaac atccggaaacc cttcttcggc ctcgccaagg 480
aactctatcc tggcagttc aagccaacca tctgtcaacta cttcatgcgc ctgctgaagg 540
acaaggggct actcctgcgc tgctacacgc agaacataga taccctggag cgaatagccg 600
ggctggaaaca ggaggacttg gtggaggcgc acggcacctt ctacacatca cactgcgtca 660

```

ggccaagtgc cggcacgaat acccgctaag ctggatgaaa gagaagatct tctctgaggt 720  
 gacgcccagaag tgtgaagact gtcagagcct ggtgaaggcct gatatcgctt ttttggtga 780  
 gagcccccaga ggcgtttct tctcctgtat gcagtcagac tccctgaagg tggacccct 840  
 cctggtcatg ggtacccctc tgcaggtgca gcccttgcc tccctcatca gcaaggcacc 900  
 cctctccacc cctcgccctgc tcatacaacaa ggagaaagct ggccagtcgg acccttcct 960  
 ggggatgatt atgggcctcg gaggaggcat ggacttgcac tccaagaagg cctacagggal020  
 cgtggcctgg ctgggtgaat gcgaccaggc ctgcctggcc ttgcgtgac tccttgatgl080  
 gaagaaggag ctggaggacc ttgtccggag ggagcacgccc agcatagat cccagtcggg1140  
 ggcgggggtc cccaacccca gcacttcagc ttcccccaag aagtccccgc cacctgccaal200  
 ggacgaggcc agacaacag agagggagaa accccagtga cagctgcata tccoaggcgg1260  
 gatgccgagc tcctcaggga cagctgagcc ccaacccggc ctggccccct cttaaccagcl320  
 agttcttgtc tggtggagctc agaacatccc ccaatctctt acagctccct ccccaaaaactl380  
 ggggtccctcag caaccctggc ccccaacccc agcaaattctc taacacctcc tagaggccaal440  
 ggcttaaaca ggcattctcta ccagcccccac tgctctctaac cactccttggg ctaaggagta1500  
 acctccctca tcctctaactg ccccaacggg gccagggtcta ccccaagaact tttaactctt1560  
 ccaggacagg gagcttcggg ccccaactct gtctcctgccc cccgggggccc tggcttaagl620  
 taaaccatac ctaacacctacc ccagtgtggg tggggccctc tgaatctaacc ccacacccagl680  
 cgttaggggaa gtctgagccg ggagggtctcc cgagtctctg cttcagtc ccaaagtggg1740  
 tggtgccccc cttcacgtg ggaccctactt cccatgctgg atggcagaa gacattgctt1800  
 attggagaca aattaaaaaaac aaaaacaact aaaaaaaaaa aaaaaa 1845

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1499 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

cggctcgagg gcgcccggg gggtcaggc gtttctgcgc gggctcccg cgctgctact 60  
 gctgtgtctc ttccctcgcc cctggcccg tgcgagccac ggccggcaagt actcgcggga 120  
 gaagaaaccag cccaaaggcg ccccaacgc cgagtccggg gaggagttcc gcatggagaa 180  
 gttgaaccag ctgtgggaga aggcccagcg actgcattt cctccctgtga ggctggccga 240  
 gctccacgtc gatctgaaga tacaggagag ggacgaactc gcctggaaaga aactaaagct 300  
 tgacggcttg gacgaagatg gggagaagga agcgagactc atacgcaacc tcaatgtcat 360  
 cttggccaag tatggtctgg acggaaagaa ggacgctcgg caggtgacca gcaactccct 420

cagtggcacc caggaagacg ggctggatga ccccaggctg gaaaagctgt ggcacaaggc 480  
 gaagacccctt gggaaattct ccggcgaaga actggacaag ctctggcggg agttcctgca 540  
 tcacaaagag aaagttcacg agtacaacgt cctgctggag accctgagca ggacccaaga 600  
 aatccacagg aacgtcatta gccccctegga cctgagcgac atcaagggca gcgtcctgca 660  
 cagcaggcac acggagctga aggagaagct gcgcagattc aaccaggccc tggaccgcct 720  
 ggcgcagggtc agccaccagg gctacagcac tgaggtctgag ttgcaggagc ccagggtgat 780  
 tgacctgtgg gacctggcgc agtccgccaa cctcacggac aaggagctgg aggcgttccg 840  
 ggaggagctc aagacttcg aagccaaaat cgagaagcac aaccactacc agaaggcagct 900  
 ggagattgcg cacgagaagc tgaggcacgc agagagcgtg ggcgcaggcg agcgtgttag 960  
 ccgcagccgc gagaagcagc ccctgcttgg ggggcggacc aaggagctgg gctacacgg 1020  
 gaagaagcat ctgcaggacc tggccggcag gatctccaga gctcggcaca acgaactctg 1080  
 aaggcatgg ggagcccagc ccggcagggg agaggccagc gtgaaggacc tgggccttg 1140  
 gccgtggcat tccgtggac agcccccgt cagggtggct ggggcctggca cgggtgtcga 1200  
 ggcaggaagg atttttctg gtactgcag ccgtgcccgt cgcgcacacag ggcttgg 1260  
 tggtagcatt tggctctgat atcggcccg ctctgactga aggggcttgg ctccactca 1320  
 gcatcagcgt ggcagtccacc accccagtgaa ggacccgtat gtccagctgc tgtcagg 1380  
 gatagtccct tgcataaaaaca acacgattta cataaaaaat ottacacatc tgccaccgg 1440  
 aataccatgc acagagtccct taaaaaatag agtgcagttat taaaacccaaa aaaaaaaaaa 1499

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 688 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5 :

ggcccaagt ccccaagtca gactgccta taaatgccga gcctgcacag ctctggcaaa 60  
 cactctgtgg ggctcctcgg ctttgcacaga gtgcacacg atgacttgca aaatgtcgca 120  
 gctggAACGC aacatagaga ccatcatcaa caccccccac caataactctg tgaagctggg 180  
 gcacccagac accctgaacc agggggatt caaagagctg gtgcggaaaat atctgcaaaa 240  
 ttttctcaag aaggagaata agaatggaaa ggtcatagaa cacatcatgg aggacccgttga 300  
 cacaaatgca gacaaggcgc tgagcttcga ggagttcatac atgctgtatgg cgaggctaac 360  
 ctgggcctcc cagcagaaga tgcacgggg tgacgaggcc cctggccacc accataagcc 420  
 aggccctcggg gagggcaccc cctaagacca cagtgcccaa gatcacatgg gcccacggcca 480  
 cggccacagt catggtgcc acggccacag ccactaatca ggaggccagg ccacccctgccc 540

tctacccaac cagggccccc gggcctgtta tgtcaaactg tcttggctgt ggggctaggg 600  
 gctggggcca aataaaagtct ctccctccaa gtcatgtc tcgtgtcttc ttccagctcc 660  
 tgttcaacac tgcccttcca ggggtgtg 688

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 909 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:6 :

tcgagccgca ttcgaccaga agtcggcgca cgccggctcg gtccgggtga ctttgccggac 60  
 catggagggc ggcttcggct ccgatttcgg gggctccggc agcgggaagc tggacccagg 120  
 gctcataatg gaggcagggtga aagtgcagat cgcgtggcc aacgcgcagg agctgctgca 180  
 gaggatgacg gacaagtgtt tccggaagtg tatagggaaa cctgggggct ccctggacaa 240  
 ctccgagcag aagtgcatcg ccatgtgcat ggaccgctac atggacgcct ggaacaccgt 300  
 gtctcgcgcc tacaactcgc ggctgcagcg ggaacgagcc aacatgtgac cggcagcgc 360  
 gggccaccccc accctgttca ttccataaaa cgtgtttgtga gaggcggggt ccgcattgtac 420  
 gtactgcctg cccggggctt aggaggggtgg caccgggtgt gggacacacg ggactgtgtc 480  
 ctgcacccccc cccgcctgc cccctggccag ccagtgcagc ttggatctcg ggggtgtggg 540  
 gccctgtgcc ttccctgaagt gctggcagcc cagtgccacc tccttcaggc ctgggggtta 600  
 ttcccttagt gtgccccaaatg cagcctcata ttctggcgg acagttgtc tggacttcgg 660  
 agttgggggt ggtcagacac cacaggagct gtcacccct gcggatggc aaataaattg 720  
 gtggaggacg gaaagaaaacc tctttatccc cctccctgagg ggtctcttc tggaaagagg 780  
 tgacgcgtgt ccctggaaacc ccagctcgg aggcttcagc ctccccctggg ttggggagaag 840  
 tccatcttcc ccccttagtgc caccggcgtg ctgagtcacg aggaatgtgt tgctgctgcc 900  
 accccctgcc 909

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 930 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

```
tgaggccaag gccccgtgag tctgcgcagt gtggggctga gggaggccgg acggcgccg 60
tgcgtgctgg cgtgcgttca ctttcagcct ggtgtggggc ttgtaaacat ataacataaa 120
aatggcttc aaaagagctc tggtcatctt ggctaaagga gcagagggaa tggagacgg 180
catccctgtt gatgtcatga ggcgagctgg gattaaggtc accgttgcag gcctggctgg 240
aaaagaccca gtacagtgtt gccgtatgtt ggtcattttgtt cctgtatgcc agccttgaaga 300
tgcaaaaaaa gagggaccat atgatgtggt ggttctacca ggaggttaatc tgggcgcaca 360
gaatttatct gagtctgctg ctgtgaagga gatactgaag gagcagggaaa accggaaagg 420
cctgatagcc gccatctgtg caggtcttac tgctctgtt gctcatgaaa taggttttgg 480
aagtaaagtt acaaacacacc ctcttgtt aaagacaaaatg atgaatggag gtcattacac 540
ctactcttag aatctgtgtgg aaaaagacgg cctgattttt acaagccggg ggccctgggac 600
cagcttcgag ttgcgttca caattgttga agccctgaat ggcaaggagg tggcggctca 660
agtgaaggct ccacttggtc ttaaaagacta ggcgcggaa ctgcgcacat cacttagaga 720
aacagccgt taggaatcca ttctcactgt ttgcgttca aacaaaacag tggtaggtt 780
atgtgttcag aatctgtgtt ccttactact ttgcggaaag tatggaaatc acaactacac 840
agagattttt cagcctacaa attgtgttca tacatttcta agccttggttt gcagaataaa 900
cagggcattt agcaaactaa aaaaaaaaaa 930
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 989 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

```

cgcgccggcg tcgtgcacgc ggtttagct gcccggcggc ggcagaagcg gcgctcgcbc 60
caaggacgt gtttctgcgc tcgcgtgtc atggaggcgc tgccgctgtc agccgcaca 120
actccgacc acggccgcca ccgaaggctg ctctgtctgc cgctactgt gttctgtctg 180
ccggctggag ctgtgcaggc ctggagaca gaggagaggc cccggactcg cgaagaggag 240
tgccacttct acgcgggtgg acaagtgtac ccgggagagg catcccggtt atcggtcgcc 300
gaccactccc tgcacctaag caaagcgaag atttccaagc cagcgcctta ctggaaagga 360
acagctgtga tcgatggaga atttaaggag ctgaagttaa ctgattatcg tggaaaatac 420
ttggtttct tcttcttaccc acttgatttc acatttgtgt gtccaaactga aattatcgct 480
tttggcaca gacttgaaga attcagatct ataaataactg aagtggtagc atgctctgtt 540
gattcacagt ttacccattt ggcctggatt aatacccttc gaagacaagg aggacttggg 600
ccaataagga ttccacttct ttcagatttt acccatcaga tctcaaagga ctatggtgta 660
taccttagagg actcaggcca cactttttaga ggtctttca ttattgtatga caaaggaatc 720
ctaagacaaa ttactctgaa tgatcttctt gtgggtat cagtggatga gacactacgt 780
ttggttcaag cattccagta cactgacaaa cacggagaag tctgccctgc tggctggaaa 840
cctggtagtg aaacaataat cccagatcca gctggaaagc tgaagtattt cgataaaactg 900
aattgagaaa tacttcttca agttatgtat cttgaaagtt ctcaataaaag ttcacggttt 960
cattaccaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 989

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2017 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

```

aagcaaccc tc gtttatgtct tatcttgca tttcctgta ttcagctatt ttcttaaagg 60
aaggcccagg tctgtattat cctactgcc a cataggaagt aaaatgagta ctcacagcct 120
tgcgccta at cactgaacac agcttttagt aatgtttac acaagaacag gatattggca 180
actcaactgt taagccttc tgtgattatt cttcctttag g atcactctga tgcaccagt 240
gtaattttag g cctggagctt tttcacac tttaaatagc agtcccagaa tgatttact 300
acagactctc tggaaaggctt gggagctaa ttccggaaga tccccacatc gatgaaagca 360
aagcgaagca ccaagccatc atcatgtcca cgtcgctacg agtcagccca tccatccatg 420
gctaccactt cgacacagcc tctcgtaaga aagccgtggg caacatctt gaaaacacag 480
accaagaatc actagaaagg ctcttcagaa actctggaga caagaaagca gaggagagag 540
ccaagatcat tttgccata gatcaagatg tggaggagaa aacgcgtgcc ctgatggct 600
tgaagaagag gacaaaagac aagctttcc agtttctgaa actgcggaaa tattccatca 660
aagttcactg aagagaagag gatggataag gacgatcc aagaatggac attcaaagac 720
caagtgagtt tgtgagattc taacagatgc agcatttgc tgctaccta caagcttctc 780
ttctgtcagg actccagagg ctggaaagg accgggactg gaaagggacc aggactgaac 840
agactggta caaagactcc aaacaatttc atgcctgtg ctgttacaga ggagaacaaa 900
atgcttccag caaggattt gaaactcttc cgtccctgca gggaaaggatt gatgctgata 960
gaagggctg gacagatgta atgagaacta aagaaaacag atggctggag atgacattta 1020
tccagggta ctttgtcagg cccttaggact taaatcgaag ttgaacttit ttttttttt 1080
aaccaaaatag ataggggagg ggaggagga gagggaggac agggagagaa aataccatgc 1140
ataaatgtt tactgaattt ttatatctga gtgttcaaaa tatttccaag cctgagtatt 1200
gtcttattgtt atagattttt agaaatcaat aatttattat ttatgtcact ttattacaat 1260
gcctgaaaaaa gtgcaccaca tggatgtta gtagaaattc aagaaaagtaa gatgtctca 1320
gcaactcgtt aaaaacctac gccacccccc ggttgtaaa aggtttttt tacatttca 1380
acaggttgca caaaagttaa aataatgggg tctttataa atccaaagta ctgtgaaaac 1440
attttacata ttttttaat ctctgacta atgctaaaac gtaatcta ataaatttcat 1500
acagttactg cagtaagcat taggaagtga atatgtatata caaaatagg tataaagact 1560
ctatagttt tataattttt ttactgca aatgtcatgc aacaataata aattattgt 1620
aactttgtgg ctttggctt gtgtatgctt gtctcaaaagg aaaaataaag atggtaaatg 1680
ttgatattta caaacttttc taaagatgtg tctctaaca taaaatgtt ttttagatg 1740
gttttatatt aatttacaaa ctttttcaaa acaaattttt acgtcaaaata tctggaaagt 1800
ttctctgtcc caatcttaaa atataaaata tagatataga agttcataga ttgactcctt 1860
ggcatttcta tttatgtatc cattaaggat gagttttaaa aggctttctc ttcatacttt 1920
tggaaaat tttctatgtatc tacagtagt atgtacatgt gtacatctat ttttccaaag 1980
caatatgtt tgggtttaga gtctgagtgat tgaccaa

```

2017

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1365 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(v) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

```

ggggcaggct gagacagcgc ccagaacctc ggagcaaggc gttggcagat ctgaagacag 60
catgtacaca gcattcccc agagtggctc tccattccca ggctcagtgc aggatccagg 120
cctgcatgtg tggcggtgg agaagctgaa gccgggtcct gtggcgcaag agaaccagg 180
cgcttcttc tcggggact cctacctgt gctgcacaat ggcccagaag aggtttccca 240
tctgcaccc tggataggcc agcagtcatc ccgggatgag cagggggcct gtgccgtgt 300
ggctgtcac ctaaacacgc tgctggaga gcggcctgtc cagcaccgcg aggtgaggc 360
aatgagtcg acctttcat gagctactc ccacggggcc tcaagtagcca ggaagggtgg 420
gtggagttag cattccaca gacccatcaca ggagccccag ctgcacatcaa gaaactctac 480
cagggtgaagg ggaagaagaa catccgtgcc accgagcggg cactgaactg ggacagctc 540
aacactgggg actgtttcat cctggaccc tgccagaaca tcttcgcctc gtgtgggtga 600
aagtccaaaca tcctggaaacg caacaaggcg agggacactgg ccctggccat ccgggacagt 660
gagcgacagg gcaaggccca ggtggagatt gtcactgtg gggaggagcc tgctgagatg 720
atccaggtcc tggccccaa gcctgtctg aaggaggcga accctgagga agacactcaca 780
gctgacaagg caaatggccca ggccgcagct ctgtataagg tctctgtatgc caetggacag 840
atgaacctga ccaagggtggc tgactccagc ccatttgccc ttgaactgt gatatctgat 900
gactgcttg tgctggacaa cgggctctgt ggcaagatct atatctggaa gggcgaaaa 960
gcgaatgaga aggagcggca ggcagccctg cagggtggccg agggcttcat ctcgcgcattg1020
cagtagcccc cgacacactca ggtggagatt ctgcctcagg gccgtgagag tcccatcttc1080
aagcaatttt tcaaggactg gaaatgaggg tgggctt cctgccccat gctcccctgc1140
ccccaccac ctgcctgttt gcttctctgg ctgcctggc agtgcagagg tgccccctgc1200
agatgttcaa taaaggagac aagtgtttc ccagctctt tcctgcaaaa cctgcccctgg1260
gctgattctc actgtcaccc acatttac ctgggttcat ccccatgtcg ggggtggagt1320
agcacacaga tgacaattgg acagccttgg aggggccaga gctgc 1365

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1597 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

```

accaatggcc aggccatgc tgaaagatgc cggcgtcgcc actctggcct ggatgggtat 60
aatgggtat ggcctgcaca atttcagcga tggcttagca attgggtctg cttttactga 120
aggcttatca agtggtttaa gtacttctgt tgctgtgttc tgtcatgagt tgcctcatga 180
attaggtgac tttgtctgttc tactaaaggc tggcatgacc gttaaaggcagg ctgtccctta 240
taatgcattt tcagccatgc tggcgtatct tggaatggca acaggaaattt tcattggtca 300
ttatgctgaa aatgtttcta tggatatt tgcaacttact gctggcttat tcatgtatgt 360
tgctctgggtt gatatggtac ctgaaatgtc gcacaatgtat gctagtgtacc atggatgttag 420
ccgctggggg tatttcttt tacagaatgc tggatgtc ttggatgtttaa gaattatgtt 480
acttatttcc atatttgaac ataaaatcgt gtttctgtata aatttcttagt taagggtttaa 540
atgctagagt agctaaaaaa gttgtcatag tttcagtagg tcataggagg atgagtttgt 600
atgctgtact atgcagcggt taaagtttagt ggggtttgtg atttttgtat tgaatattgc 660
tgtctgttac aaagttagtt aaaggtacgt ttaatattt aagtttatttct atcttggaga 720
taaaatctgt atgtcaatt caccggtatt accagtttat tatgtaaaca agagatttgg 780
catgacatgt tctgtatgtt tcagggaaaa atgtctttaa tgcttttca agaactaaca 840
cagttattcc tataactggat ttttaggtctc tgaagaactg ctgggttttaa ggaataagaa 900
tgtgcatgaa gcctaaaata ccaagaaagc ttatactgaa ttaagcaaa gaaataaaagg 960
agaaaaagaga agaatctgag aattggggag gcatagattc ttataaaaat cacaaaattt1020
gttgtaaatt agaggggaga aatttagaaat taagtataaa aaggcagaat tagtataagag1080
tacattcatt aaacattttt gtcaggatta tttcccgtaa aaacgtatgtt aggcactttt1140
catataactaa tttagttgtt catttaactt tgcataatac agaaaatctaa atatatttaal2000
tgaattcaag caatatatac cttgaccaag aaattggaaat ttcaaaaatgt tcgtgcgggt1260
atataccaga tgagtacagt gagtagttt atgtatcacc agactgggtt attgccaagt1320
tatataatcac caaaagctgt atgactggat gttctgggtt cctggtttac aaaattatcal380
gagtagtaaa actttagat atatgaggat ataaaacta cactaagttt catttgattcl440
gattcagaaa gtactttgat atctctcgtt gcttcagtgc tattcattgtt agcaattgtcl500
ttttatatac ggtactgttag ccatactagg cctgtctgttgc gattctctta gatgtttctt1560
ttttacacaa taaattccctt atatcagttt gaaaaaa 1597

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1780 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STrang: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

**(iii) HYPOTHETISCH: NEIN**

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

```

cgggcgcggc cggacggtag ttccccggag aaggatctg cagcccga 60
aagcttgggg ttcatectcc ttccctggag cccgagtccc gtectcag 120
caggggactc ggccgcggg  cgtctcatg gacgacattt tcactca 180
aacgcagtcg ccgttcggct gtggctggac aacacggaga acgacactaa 240
gatcatggct tctccccctt gcactggg  tgccgagagg gcccgtctgc tttgtt 300
atgttcatca tgcggggggc acggatcaat gtaatgaacc gtggggat 360
catctggcag ccagtcatgg acaccgtat atttacaga agctattgca gtacaaggca 420
gacatcaatg cagtgaatga acacggaa  gtgccttc  actatgcctt ttttgggc 480
caagatcaag tggcagagga ccttggtgca aatggggccc ttgtcagcat ctgtaa 540
tatggagaga tgcctgtgg  caaagcca  gca  cccctga gagagcttcc 600
gcagagaaga tggccagaa tctcaaccgt attccatata aggacacattt ctggaaagg 660
accacccgca ctccggccccc aaatgg  acc  ctgaacaaac actctggcat tgacttcaaa 720
cagcttaact tcctgacgaa gctcaac  aat  aactctg gagagctatg gaaggccc 780
tggcagg  atgacattt  cgtgaagg  ctgaagg  gagactgg  tacaagga 840
agcagg  act  tcaatga  gtgtcccc  ctcagg  ttcgc  attc  aat  tgctc 900
ccagtct  gtgcctg  gtctcc  gtcctc  ctactc  catc  cacacactg 960
atgccgtatg gatccctcta caatgtacta catgaagg  ccaattt  cgtggacc 1020
agccagg  tgaagtt  tttggac  gcaagg  tggcctt  acacacact 1080
gagccctca tcccacgaca tgcactcaat agccgt  tagt  taatgatt  tgaggacat 1140
actgccc  ttagcat  tgatgt  ttcttt  aatgtc  tggcatgt 1200
gcacctg  ggttag  cgaagct  cagaaga  ctgaag  aacacagac 1260
tcagcagaca tggaggtt  tgcagt  ctgtgg  tggta  ctttgg 1320
tttgc  tcccaat  ggagatt  atgaagg  cattgg  ctttgg 1380
ccatccc  aggtatt  cctcat  gtaag  gaagat  ctgc  atgaat 1440
accctg  qcgaccc  ttgacat  ttgtc  ctttgg  atgcagg 1500
agttag  gaa  ggtc  gcctg  aca  tgc  gggacat  tgggg  atgl 1560
cacctcccc  aagcagc  agg  cttctg  gtc  cttccc  ctcc  ggtact 1620
cagccat  gtc  catcccc  ttccccat  cctacc  tggccc  aagg  cggg 1680
tcagag  tt  gtca  actt  gtc  acat  gggt  tccc  aacat  ggagg  gatca  gccc  cctg 1740
tcacaataaa gtttattatg aaaacaaaaa aaagg  gtgtgg 1780

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 892 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

```
aacgactcct ggtacattgc tcccattact tcccgtttc tcgatctgct gctcgctca 60
ggctcgtagt tcgccttcaa catgccgaa ccagcgaagt ccgctccgc gccaagaag 120
ggctcgaga aagccgtgac taaggcgcag aagaaggacg gcaagaagcg caaggcagcc 180
gcaaggagag ctactccgt a tacgtgtaca aggtgtctgaa gcaggtccac cccgacaccg 240
gcatctcctc taaggccatg ggaatcatga actccttcgt caacgcacatc ttcaacgc 300
tcgcgggtga ggcttccgc ctggcgatt acaacaagcg ctcgaccatc acctccagg 360
agatccagac ggccgtgcgc ctgctgtgc ccggggagtt ggccaagcac gccgtgtccg 420
agggcccaa ggccgtcacc aagtacacca ggcgctaagta aacttgccaa ggagggactt 480
tctctggaat ttctgtat gaccaagaaa gcttcttata aaaagaagca caattgcctt 540
cggttacctc attatctact gcagaaaaga agacgagaat gcaaccatc ctagatggac 600
ttttcccaa gctaaagctg gcctttgtat ctcatcaga ttccaaagag aatcatttac 660
aagttaattt ctgtctcctt ggtccattcc ttctctctaa taatcattta ctgttcctca 720
aagaatgtc tacattaccc atctcctt ttgcctctga gaaagagtat ataagcttct 780
gtaaccact ggggggttgg ggtaatattt tttggccttc agccctgtac cttataataat 840
ttgtatgcct ttctcttaa aaaaaaaaaag gagggaaagaa ggaagaggat gc 892
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 992 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

```
ctctcgcgag gattggctgt tagccccgtt gtagttaagc tcgtgttaacg gcggcggtgt 60
cggcagctgc tgttagcgaag agagtttggc gcgatgtctc acaccattt gctggtaacag 120
```

cctaccaaga ggccagaagg cagaacttat gctgactacg aatctgtgaa tgaatgcatt 180  
gaaggtgttt gtaaaaatgtt tgaagaacat ctgaaaagaa tgaatcccaa cagtccctct 240  
atcacatatg acatcagtca gttgtttat ttcatcgatg atctggcaga cctcaagctgc 300  
ctgggttacc gagctgatac ccagacatac cagccttata acaaagactg gattaagag 360  
aagatctacg tgctccttcg tcggcaggcc caacaggctg gaaaataatt gtgttggaaag 420  
caactgggggg gttgggggtgg gcttggaaaca caggtgtgtt cagcgtgctg tagtggaaagt 480  
tttgtatcat agtaatcctt ttccactt gttatactct agccaaggatt gactgttatta 540  
gatgaaatgt gaggatcttg ttcaatcgga aaccgggtt acctccttctt tttcttctc 600  
tttctttttt ttttttact taaacatttt tatgtatgatt tagatggaaag ttgttcttcg 660  
tcacttaatg ttgggtccag tccttcaact gttcatatct actttataac attcacatac 720  
taaccctctt tcaagatggg gtgggggggtg gaaatgcagt ttagccatgt cctcaagata 780  
aagtcttggt aaaaataaaat aaatgtcctt tagtataaaa aaaaaaaaaaaa aaaatggaaag 840  
gactggaaacc aacattaagt gacgaagaac aactgtggtg tggggaaag gctttggacc 900  
tagaccaacc tggattgaaa tctaattttc tcacttaagg gaagttcaat tactcctcag 960  
ttcccacatc tatcagtggg gataatgcct ag 992

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1196 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

gggcgccccgg aaggtcagcg tgtgaagtag ggcgtggcaa cgccccgttta cccgctgtta 60  
ttgaggagta acggcccaagc ggaccaccca ggcttgaggc agcggcggga accactcggt 120  
ttgctgcgtt accatggaaag gaggcgaaaa aagccggcaac aaaaccacag ggggattggc 180  
cggttttttc ggagccggcg gagcagggtt ctcgcacgcg gatttggctg gcgtcccgct 240  
aactggatgtt aaccctctgt ctccattttt aaatgtggat ccacgatacc tcgtgcagga 300  
tacagatggat tttattttac ctacggggc taataaaaacc cggggcagat ttgagctggc 360  
cttctttagc attggaggat gttgcattgac aggggctgctg tttgggtgcaaa tgaatggct 420  
tcggcttagga ttgaaggaaa cccagaacat ggcctggtcc aaaccaagaa atgtacagat 480  
tttgaatatg gtgacttaggc aaggggcact ttgggtcaat actcttaggtt ctctggcttt 540  
gctctatagt gcatttgggtg tcattcatgtt gaaaacacga ggtgcagaag atgaccttaa 600  
cacagtagca gctggaaacca tgacaggcat gttgtataaa ttttacaggtt gttttcgagg 660

gatagcacga ggtggctcga caggactaac acttaccagc ctctatgcac tatataataa 720  
 ctgggagcac atgaaaggct ctttgctcca acagtcaact tgaagattt gccaactcat 780  
 gaatggagga cacttcagta gtcatctaga tcctttata agacagttg gagttattct 840  
 ctctctcta cttacaatta gtttgaaaaa ttggagattt tgatttgcgt tgatgaaaat 900  
 cctggatggc tgaccaagac tggcacttgt tccagccatt agtgagttga agccaaagcc 960  
 ctttggtgac tcactgagta ccatggttct gtctctctt ggagatcttgc cacgtatctg1020  
 ttttcctccc ccatgaacta gaaaaccact tactcccaga attcaggctcg tgctgttag1080  
 tactatatca ccaagtcacat tcatttaatg atccaaaact gtaatgttgc actgtattcc1140  
 aaataaaggtaaaaaacaga accaaagtta taactccaac acacaaaaaaa aaaaaa 1196

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1105 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

ggcttaggcc cagccccctg cctccccctcc cttcccccaag gtataagagc tgagctcagg 60  
 tgagctggct cctcctgtct tgtctcagcg gctgccaaca gatcatgagc catcagctcc 120  
 tctggggcca gctataggac aacagaactc tcaccaaagg accagacaca gtgagcacca 180  
 tgggacagtg tcggtcagcc aacgcagagg atgctcagga attcagtgtat gtggagaggg 240  
 ccatttggagac cctcatcaag aacttttacc agtactccgt ggagggtggg aaggagacgc 300  
 tgacccttc tgagctacgg gacctggta cccagcagct gccccatctc atgcccggaca 360  
 actgtggcct ggaagagaaa attgccaacc tggcagctg caatgactct aaactggagt 420  
 tcaggagttt ctgggagctg attggagaag cggccaagag tgtgaagctg gagaggcctg 480  
 tccggggca ctggagaactc cctctggaaat tcttgggggg ttttggggag agactgtggg 540  
 cctggagata aaacttgtct cctctaccac caccctgtac cctagccctc acctgtccctc 600  
 atctctgcaa agttcagctt ccttcccccaag gtctctgtgc actctgtctt ggatgtctg 660  
 gggagctcat gggggagga gtctccacca gagggaggtc cagggactg gttggggccag 720  
 ggatgaatat ttggggata aaaattgtgt aagagccaaa gaattggtag tagggggaga 780  
 acagagagga gctgggctat gggaaatgtt ttaataatg gagctggaa tatggctgga 840  
 tatctgttac taaaaaaagggtt ctttaagaa cctacttccct aatctctcc ccaatccaaa 900  
 ccatagctgt ctgtccagtg ctctcttccct gcctccagct ctggcccagg ctcccccctag 960  
 actctgtccc tgggcttaggg cagggagggcag ggttggggga gaggttgagg 1020

agagtgtgac atgtggggag aggaccagct gggtgcttgg gcattgacag aatgatggtt 1080  
gttttgtatc atttgattaa taaaa 1105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2006 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

tgcgagccga ggcgccgagc aagatggcg cgcgagtgt gcgcgcccgc ggaggcgctg 60  
ggccggcgcc ctcctgcagc gggcggcccc ctgcagccctc ctgcccaggc tccggacatg 120  
gacatcttcc agcaacagat ctcgagaaga cagctggcta aaatccttat ttgtccggaa 180  
agttgatcca agaaaagatg cccactccaa tctcttagcc aaaaaggaaa caagcaatct 240  
atacaaatta cagtttcaca atgttaaacc ggaatgccta gaagcataca aaaaaatttg 300  
tcaagaggtg ttgccaaaga ttcacgaaga taaacactac ccttgtactt tggtggggac 360  
ttggaacacg tggatggcg agcaggacca agctgtccac ctctggaggt atgaaggagg 420  
ctatccagcc ctcacagaag tcatgaataa actcagagaa aataaggaat ttttggaaatt 480  
tcgtaaggca agaagtgaca tgcttcttc caggaagaat cagctctgt tggagttcag 540  
tttctggaat gggctgtgc caagatccgg acctaataata tatgaactca ggtcttacca 600  
actccgacca ggaaccatga ttgaatgggg caattactgg gctcgtgcaa tccgcttcag 660  
acaggatggt aacaagccg tcggaggatt cttctctcag attgggcagc tgtacatggt 720  
gcaccatctt tggcttaca gggatctca gaccaggggaa gacatacggg atgcagcatg 780  
gcacaaaacat ggctggggagg aattgggtata ttacacagtt ccacttattc aggaaatgga 840  
atccagaatc atgatcccac tgaagaccc gccccctccag taaagctgta gagttctat 900  
gtgcctacat acatttctgt gacaagtatt tgcgttaat taattttaat tgtgtatcaa 960  
gtgaaaaaga aacactgagg ttttaagctg ctgtatatacg cttgtgagaa acctctttc 1020  
tttaaaattt acataatcac aagaaagaa agaattacag ttggactgat tgtgacagt 1080  
ccttgcgtc ctcttgcata cacccccgtgt tgcgttactt accttataac acttagccac 1140  
ttctccccac cttccagaag gggtccacgt tgaattctga atcatcttgc aaataagatt 1200  
ccaaccacaa aaaaaattta gccatttctt tactaaaaaa aaccaaaaaa caaatctgtt 1260  
ttataatcac agatfffftag acaaatttct tgcgttactt agaaatacaa attttgcata 1320  
gtttctcaag cagttttctt gaggatgttgc tgaggaggaa caaattacaa gtgtacccaa 1380  
taactgaaaa tggtttaact cactctcatt tgcgttactt ccacatagta gacaatgggt 1440

tttccaagct gggcaaggta catttaatca gtaaatcagt ttcacatcat gtattgtat 1500  
 gtttcaatgtt gagacacaaa aacaatggct tgaaacttgt gtatccatgt tgattttga 1560  
 atgaacacacct tgaatagcac taatttttat ttgtggattt tttctataac aaaacaagta 1620  
 gctcttaggaa aagaggaaaa attttgtaaa cgatcatttgc tgacccatcaga cactctctgg 1680  
 ctaatatttt aataagctca cagcagataa ttctgagatc atgggtgagg ggtgggtgc 1740  
 gttgagattt aaattggcat aaagctgcattt accttttgc tagctgtttt atttcatttt 1800  
 ttaatatagt atgccaattt tgtgactgtt accatgtgaa agtcctgtt 2006  
 ttgtctgccc cacaatcaag aatgtatgtg taaagtgtga ataaatctca tatcaaatgt 1920  
 caaactttt catgtgaatg attttctcaa agaacataga aaagtcaata aaatccctt 1980  
 aatttccaca aaaaaaaaaa aaaaac

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 834 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

ccggaaccag aactggaaatc cgcccttacc gcttgctgcc aaaacagtgg gggctgaact 60  
 gacctctccc ctttgggaga gaaaaactgt ctggggagctt gacaaaggca tgcaggagag 120  
 aacaggagca gccacagcca ggagggagag ccttccccaa gcaaacaatc cagagcagct 180  
 gtgcaaacaa cggtgtcataa atgaggcctc ctggaccatcg aagcagatcc tgagctgcgt 240  
 cccggagccc acgtggtca tggctccag agcgctctgc atgctggggc tggctctggc 300  
 cttgctgtcc tccagctctg ctgaggagta cgtggggcttg tctgcaaaacc agtgtgccgt 360  
 gccagccaag gacagggtgg actgcggcta ccccccattgc acccccaagg agtgcacaa 420  
 ccggggctgc tgcttgact ccaggatccc tggagtgcct tgggtttca agccctgca 480  
 ggaaggcagaa tgcacccctc gaggcaccc cagctgcccc cggccgggg atgcgaggct 540  
 cggagcaccc ttggcccggt gtgattgtc ccagggactg ttcatctca gttttctgtc 600  
 cctttgtcc cggcaagcgc ttctgctgaa agttcatatc tggagcctga tgtcttaacg 660  
 aataaaaggcc ccatgctcca cccgaggaca gttcttcgtg cctgagactt tctgaggttg 720  
 tgctttatcc ctgctgcgtc gtggacagcg ggagggtgtc aggggagagt ctgcccaggc 780  
 ctcaaggcga ggaaaagact ccctaaggag ctgcagtgca tgcaggata tttt 834

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 765 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20 :

```

cgggAACGGG ggggacgcgg ctgcgcggc gcgtcgaggg gagaggcagc agccgcgtg 60
gacgttgtcc tcatgatccg ggcgcacaag accaccatct tcacggacgc caaggagtcc 120
agcacggtgt tcgaactgaa ggcgcatcgcc gagggcatcc tcaagcggcc tcctgacgag 180
cagcggctgt acaaggatga ccaactttt gatgtatggca agacacttgg cgagtgtggc 240
ttcaccaagtc aaacagcacg ggcacaggcc ccagccacag tggggctggc cttccggca 300
gatgacaccc ttgaggccct gtgcacatcgag ccgttttcca gcccggcaga gctgccccat 360
gtgtatgaagc cccaggactc gggaaaggcgt gccaatgaac aagccgtgca gtgagacccc 420
caagaggccc attccccca ataaaagaga tttgggagtc tgacaaaaatg ctgcctcttt 480
ttcccgcccc tccctgggat gggtcccaact ccctgtggc tccttttggg gcttgtgctt 540
ggcaggccct gtgcgtgtccct gtctcccaaga tcctgagacc ctggctgaga acttggccca 600
gcctgctgtct taaaggcacc atggggaccc tgggttgcct cagacccaaag ccattgttag 660
cagctagcca gccacaccaa ccacgcagg gggaggaaag ggaaggaatg ggagagacac 720
aaagaccaga gccaacctca gggacaagag attccagtgt ggcct 765

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 779 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

```
gcggggagtc cagggtccgc cccggagccg acttcctcct ggtcggcgcc tgcagcgaaa 60
tgagcgccgg cagcggccgg ggatccttga gccatggggc gcgcgcgcga cgccatcctg 120
gatgcgttgg agaaccttgcac cgccgaggag ctcaagaagt tcaagctgaa gctgtgtcg 180
gtggccgttc gcgagggtcta cgggcgcata ccgcggggcg cgctgtgtc catggacgcc 240
ttggacacta ccgacaagct ggtcagcttc tacctggaga cctacggccgc cgagtcacc 300
gctaacgtgc tgcgcgacat gggcctgcag gagatggccg ggcagctgca ggcggccacg 360
caccagggtctt ctggagccgc gccagctggg atccaggccc ctccctcagtc ggcagccaag 420
ccaggcctgc actttataga ccagcacccg gctgcgtta tcgcgagggt cacaaacgtt 480
gagtggctgc tggatgtct gtacggaaag gtccgtacgg atgagcagta ccaggcagtg 540
cggggccgagc ccaccaaacc aagcaagatg cgaaagctct tcagtttac accagcctgg 600
aactggacct gcaaggactt gtcctccag gcccataaggg agtcccagtc ctacctggtg 660
gaggacctgg agcggagctg aggctcccttc ccagcaacac tccggtcagc ccctggcaat 720
ccccacaaat catccttcat ctgatcttt tatacacaat atacgaaaag ccagcttga 779
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2327 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

cccacgcgtc cgagacatta ataagcttga agagcagaat ccagatattg tttcagaaaa 60  
 aaaaccagca actgaagtgg acccccacaca ttttggaaaag cgcttcctaa agaggatccg 120  
 tgacttggga gagggccact ttgggaaggt tgagctctgc aggttatgacc ccgaaggac 180  
 caatacaggg gacgcagggtgg ctgttaaatc tctgaagcct gagagtggag gtaaccacat 240  
 agctgatctg aaaaaggaaa tcgagatctt aagaacctc tatcatgaga acattgtgaa 300  
 gtacaagga atctgcacag aagacggagg aaatggatt aagctcatca tggaatttct 360  
 gccttcggga agccctaagg aatatcttcc aaagaataag aacaaaataa acctcaaaca 420  
 gcagctaaaa tatgccgtt agatttgtaa gggatggac tatttgggtt ctcggcaata 480  
 cgttcacccgg gacttggcag caagaaatgt ccttgttag agtgaacacc aagtgaaaat 540  
 tggagacttc gtttaacca aagcaattga aaccgataag gagtattaca ccgtcaagga 600  
 tgaccgggac agccctgtt ttttgtatgc tccagaatgt ttaatgcaat ctaaatttta 660  
 tattgcctt gacgtctgtt cttttggagt cactctgc tgcactgtga cttactgtga 720  
 ttcagattct agtccccatgg ctttgttccct gaaaatgata ggcccaaccc atggccagat 780  
 gacagtcaca agacttgcata atacgttaaa agaaggaaaa cgcctgcgtt gcccacctaa 840  
 ctgtccagat gaggtttatc aacttatgag gaaatgctgg gaattccaac catccaatcg 900  
 gacaagcttt cagaaccta ttgaaggatt tgaagcactt taaaatataa aagcatgaat 960  
 aacatttaaa ttccacagat tatcaagtcc ttctccctgc acaaattgccc aagtcatttt1020  
 ttaaaaatctt ctaatgaaag aagtttgtt tctgtccaaa aagtcaactga actcataactt1080  
 cagtagatcat atacgtataa ggcacactgt agtgcattat atgtgttaagg acttcctctt1140  
 taaaatttgtt accagtaact tagtgacaca taatgacaac caaaatattt gaaagcactt1200  
 aagcacttcc ctttgtggaa agaatatacc accatttcat ctggcttagt caccatcacal1260  
 actgcattac caaaaggaaa ttggaaaaa cgaggagttt accaaaataa tatctgaaga1320  
 tgattgcctt tccctgc tgcattttt cagctgatct gaaatgtttt gctggcacat taatcataga1380  
 taaagaaaaa ttgatggact tagccctcaa atttcgttat ctatacaga ctagaccat1440  
 cattcttaaa atattagata ccaggtagta tatattgtttt ctgtacaaaaa atgactgtat1500  
 tctctcacca gttaggactt aactttgtttt ctccagttgc ttagctctg ttcccttgggl1560  
 tgatcactag caccatattt tgagaaaagct ggttctacat gggggatag ctgtggaaata1620  
 gataatttgc tgcattttaa ttaatttca agaactaagc ctgtgccagt gctttccataal1680  
 gcagttatacc ttaatcaga actcattccc agaaccttgc tgctattaca catgtttta1740  
 agaaacgtca atgtatatcc ttttataact ctaccactt ggggcaagct attccagcac1800  
 tggtttgaa tgcgttatgc aaccagtctg aataccacat acgctgcact gttcttagag1860  
 gtttccata ctaccacccg atctacaagg gttgatccct gtttttacca tcaatcatcal1920  
 ccctgtggc caacacttgc aagacccggc tagaggact atggacttca ggatccacta1980  
 gacagtttc agtttgcctt gaggtagctg ggtaatcaaa aatgttttagt cattgattca2040  
 atgtgaacga ttacggctt tatgaccaag agtctgaaaaa tctttttttt atgctgttta2100  
 gtattcgttt gatattgtt cttttccaccc gttgagccca aattcaggat tggtcagtg2160  
 gcagcaatga agttgccatt taaatttgcata ctagcctac atcacaagg tctctgtgtc2220  
 aaacctgtgg ccactctata tgcactttgt ttactcttta tacaataaa tataactaaag2280  
 actttaaaag agaagagaaa aaagaaaaa aaaaaaaaaa ggggaag 2327

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:**

**(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:**

- (A) LÄNGE: 911 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

**(ii) MOLEKÜLTYP:** aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

**(iii) HYPOTHETISCH:** NEIN

**(iv) ANTI-SENSE:** NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:23 :

```
ccggggattgg ctgcgggcct cgcgaccctc ctgcttcctt cccccccccg cgccgcctct 60
ctgggttgtg cgcccgtcgc aggtcgcaagg cctctttgtc agctggagg gcgcgggctg 120
acgcgcact atgttagcgaa ttccggggcg gccacgcgtg cgggacaga acccaacccc 180
agccgacctt gagctccagg agttcgcttc ttacgtctgc ggaagtgcag ctgcotcagt 240
tcttagcgca ggttgacaac tacaggcaca agccattgaa gctggaatgt cctgttgctg 300
gtatccaat tgacttaagc caactatccc ttcagttaca ataggaaaatg gcctctaata 360
aggccaaata tgcgtactaa cttagtagcaa ccacgtgtcc gtgcagtgcc acaggagcta 420
gagcagtgtac aatgtctggtg gcaacaggc agtgttagcag gtgcattcatg ttcacctttt 480
caaccttttc atttaattgt cacaactcgg aggtggattc tggtagggac aggctgcccc 540
aggaccactc cgccccccgt aactcaatgc agctgaccct taccctgaat actctgcagc 600
tgcatttcgtt aaccgttatac taggcgttat agcaaggta ccagacttgc tacaccgaag 660
ccctctgggt ggacacggggg aggtcatgag aaacgtggat tacacccctt tgtaaattcc 720
tattttcaca agataatata ttgtaaaggcg gtcatgagat tatatgtggt aaagtttaatt 780
gactaacaac cccagggtct ctctccccca tataaacccc tcattttgtt agctcaggc 840
tgccacactcc gactgggtgaa gaagcctggc aggttaataa acttacttgg cctgaaaagg 900
gaaaagcaag a 911
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 595 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:24 :

```

cccacgcgtc cggccaggat actgcgagta tggcgccgtc aaaggtgaag caggacatgc 60
ctccgcgggg gggctatggg cccatcgact acaaacggaa cttgccgcgt cgaggactgt 120
cggtctacag catgctggcc ataggattg gaaccctgtat ctacggcac tggagcataa 180
tgaagtggaa ccgtgagcgc aggcgcctac aaatcgagga cttcgaggtt cgcacgcgc 240
tgttgcact gtacaggca gaaaccgacc ggaggacctt gcagatgtt cggagaacc 300
tggaggagga ggcacatcato atgaaggacg tgcccactg gaaggtgggg gagtctgtgt 360
tccacacaac ccgctgggtg ccccccttga tcggggagct gtacgggtg cgcaccacag 420
aggaggctct ccatgccagc cacggcttca tgtgttacac gtaggccctg tgccctccgg 480
ccacctggat ccctgcccct ccccactggg acgaataaa tgctctgcag acctggaaaa 540
aagaaaggag gacaagaaaa aacggggtc agaaggaga gagtggggcc cctgt 595

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 886 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

```

ctcagtatta agcaacagaa aatgagactc atcgttagact cagcatagac ccatcacaga 60
cctgtcagag gccgattgtt agctcgctgt agacccatgt tagcagaccc gtatgtacta 120
gcactggatc aaatgcgtt ttataaagca ttggacacctt caagtctgtt cggcggcgtt 180
gtcacaagct acctaactaa gaagtttgctt gaactacgc gccccatgtt gttcaagggtt 240
tacatgggcc acgggtggaa gccctgggtt tccgacttca gtcaccctca ttacctggct 300
gggagaagag ccatgaagac agtttttgtt gttgagccatg acttgaccag ggaaggcggc 360
agtattcccg tgaccttgac ctttcaggag gccacgggtt agaacgtcat gctgctgcct 420
gtgggttcag cgatgtacgg agcccaactcc cagaatgaaa agctcaacag gtataactac 480
atagagggaa ccaagatgtt ggccgcgtt ctgtatgagg tctccctgtt gaaggactgt 540
gccaagccct ctgtgtgccat tctccaatgtt gaaggtatcc tgcccttacc tcaccctttt 600
ccaaccttgc cagggaagtggt gaggtttccctt cttcccttcc cctcttgcgtt ggtcatccat 660
gacttttagag aacagacaca agtgtatcca gctgtccacg ggtggagctt cccgttgggc 720
ttatgatgtt cctggagtgtt cagctgatgtt accctgggtt agttctcaga gtgggtcaggtt 780
tggcttgacc tgcagaagat acccaaggtt caaaagcaca aggtctgcgg aaagttctgg 840
ttgtcggctt ggcaccacgg ctcacacacta taatcgagca ttgggg 886

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2273 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

ttaaaaaaaaaa aaccgcctgg tcttgggtc cattaaaccc atggaaacttc actatccccca 60  
gttagccgtc ccagcggtt aagtggacct ccaagtgtat ggctttatgg tttatggccg 120  
ggtcaggcc cttaataaaag tgtaattatg tattaccagc agggtgtttt taactgtgac 180  
tattgtataa aaacaaaatct tgatatccag aagcacatga agtttgcaac tttccaccct 240  
gcccatttt gtaaaaactgc agtcatctt gaccttttaa aacacaaaatt ttaaactcaa 300  
ccaagctgtg ataagtggaa tggtaactgt ttatactgtg gtatgtttt gattacagca 360  
gataatgctt tctttccag tcgtcttga gaataaagga aaaaaaaatct tcagatgcaa 420  
tggtttgtg tagcatctt tctatcatgt tttgtaaata ctggagaagc tttgaccaat 480  
ttgactaga gatggaatgt aactttgctt acaaaaaattt ctattaaact cctgcttaag 540  
gtgttctaattttctgtgag cacactaaaa gcgaaaaata aatgtgaata aaatgtacaa 600  
atttgtgtg ttttttatgt ttcttaataat actgagactt cttaggtctta ggttaatttt 660  
taggaagatc ttgcattgcca tcaggagtaa attttattgt ggttcttaat ctgaagtttt 720  
caagctctga aattcataat ccgcagtgtc agattacgtt gaggaagatc ttacaacatt 780  
ccatgtcaaa tctgttacca tttattggca ttttagtttc atttaagaat tgaacataat 840  
tatttttattt gtagctatat agcatgtcag attaaatcat ttacaacaaa aggggtgtga 900  
acctaagact attaaaatgt cttatgagaa aatttcataa agccatttc ttgtcattca 960  
ggtccagaaa caaattttaa actgagtgag agtctataga atccataactg cagatgggtc 1020  
atgaaatgtg accaaatgtg tttcaaaaat tgatgggttta ttacctgttta ttgttaattgc 1080  
ttagtgtctt gctaatttcc aaatttattgc ataatatgtt ctaccttaag aaaacaggtt 1140  
tatgtaccaa agtaatggtg ttgaatggat gatgtcagtt catgggcattt tagcatagtt 1200  
ttaagcatcc tttttttttt gaaagtgttga aagtggttta gcatcttggt actcaaaggat 1260  
taagacagac aataataactt cactgaatat taataatctt tactagttttta cctcctctgc 1320  
tctttgccac ccgataactg gatatcttt ccttcaaagg acccttaact gattgaaattt 1380  
taagatatgt atcaaaaaaca ttatttcatt taatgcacat ctgttttgct gtttttggc 1440  
agtgtgcagt ttagggttca tgataaaatca ttgaaccaca tggtaacaa ctgaatgccc 1500  
aatcttaaac tcattagaaa aataacaaat taggttttga cacgcattct taatggaaat 1560  
aatggatcaa aaatagtggt tcatgacccctt accaaacacc ctgtacta ataaaatca 1620  
ataacactta gaagggtatg tatttttagt tagggttct tgatcttggaa ggtatgttgc 1680

aagttaaaaa ttgaatttgg taaccaaagg actgatttat gggctttcc tatcttaacc 1740  
 aacgtttct tagttaccta gatggccaag tacagtgcct ggtatgttagt aagactcagt 1800  
 aaaaaagtgg atttttaaaa ataactccca aagtgaatag tcaaaaatcc tgtagcaa 1860  
 ctgttatata ttgctaagtt tgttcttta acagctggaa tttattaaga tgcattattt 1920  
 tgattttatt cactgcctaa aacacttgg gtggatttga tggagttgt ggattttcct 1980  
 ccaagtgatt aaatgaaatt tgacgtatct tttcatccaa agttttgtac atcatgttt 2040  
 ctaacggaaa aaaatgttaa tatggcttt ttgtattact aaaaatagct ttgagattaa 2100  
 gaaaaataa ataactcttgc acagtgcgtg tattgtctat taaatctgtt ttggcagtat 2160  
 gtataatggc atttgctgtg gttacaaaat acttcctctg ggttataata atcattgtat 2220  
 ccaattccta ttgcttgtaa aataaagttt taccagttga tataaaaaaaa aaa 2273

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1574 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

gctctctgct ccgggtgcagg cgcgcaaggc gccctgggc gggagcaacg cgactgaccg 60  
 tggtcgtggg cggacggcgg ctgcagcgtg gaggagctgg ggtcgctgtg ggtcgcaac 120  
 agagcccccggg acgtgcgcgc ttgggtcacg atcctaagg ggagctccga gggggcccccggg 180  
 tcgccaggc tgctgcggcc attccccggag cccggcgcgg ggcccgcgag atactggttt 240  
 aggccgtccc agggtcccg ggcgcacccgg tggccgctgc tgcaagcggag ggagcgcggc 300  
 ggcgcggggg gctcggagac agcgtttctc ccggaaagtct tcctcgggca gcagggtggga 360  
 agtgggagcc ggagcggcag ctggcagcgt tctctccgc ggtcgccacc atgcgcctg 420  
 cagccctgcg cggggccctg ctgggctgcc tctgcctggc gttgctttgc ctggcggtg 480  
 cggacaagcg cctgcgtgac aaccatgagt ggaaaaaaact aattatggtt cagcaactggc 540  
 ctgagacagt atgcgagaaa attcaaaacg actgttagaga ccctccggat tactggacaa 600  
 tacatggact atggcccgat aaaagtgaag gatgtaatag atcgtggccc ttcaatttag 660  
 aagagattaa ggatcttttgc ccagaaatga gggcatactg gcctgacgta attcaactcg 720  
 ttcccaatcg cagccgcctc tggaaagcatg agtggggaaa gcatgggacc tgccggccc 780  
 aggtggatgc gctcaactcc cagaagaagt actttggcag aagcctggaa ctctacaggg 840  
 agctggaccc caacagtgtg cttctaaaat tggggataaa accatccatc aattactacc 900  
 aagttgcaga ttttaaagat gcccttgcca gagtatatgg agtgataccccc aaaatccagt 960

gccttccacc aagccaggat gaggaagtac agacaattgg tcagatagaa ctgtgcctca 1020  
 ctaagcaaga ccagcagctg caaaaactgca ccgagccggg ggagcagccg tcccccaagc 1080  
 aggaagtctg gctggcaa at gggccgccc agagccggg tctgagagtc tgtgaagatg 1140  
 gcccagtctt ctatccccca cctaaaaaga ccaagcattg atgccaagt tttgaaata 1200  
 ttctgttta aaaagcaaga gaaattcaca aactgcagct ttctaaaaaa caactccaa 1260  
 gtgaagtctg tttatccctc tggtccctgt ccatgcctgt gaattgggtg ttgtggtccc 1320  
 tgttagagtga gtgcattgtgg cgtacacggg gggaaaggag ctctgccacg cctgggtggc 1380  
 tggtttggc ttggataaaa ggtcgccggg ttgttaggg tttttctct gttaaactct 1440  
 tcagtccccg ggttagatcag gcaggatata ttgggattta gacagggtggc accggttcag 1500  
 ggggactccg ctgggcccggag gtttcccccc tggagccgg cttgcctgct ttgggaagg 1560  
 ggcctggga agg 1574

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3070 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

ccggagtgtt tttaatcggt tctgttctgt cctctccacc acccccaccc ccctccctcc 60  
 ggtgtgtg ccgctgccgc gcgaccgccc agccctgtca gcctgcgcag cccctcacag 120  
 gaggccca ggcggatgtcag tccagaagcc ccccccggg aggccggcaga gtaaaagagc 180  
 aagcttttgtt gagataatcg aagaactttt ctcccccttt tggttggtgg agtgggtgcca 240  
 ggtactgggtt ttggagaact tgcataaac caggattga tttaaagat gtctttttt 300  
 attttacttt tttaaagca ccaaattttt ttgttttttt ttctccctcc ccccccacag 360  
 atccccatctc aaatcattct tttaaccacc attccaaacag gtcgaggaga gcttaaacac 420  
 cttcttcctc tgccttggtt ctctttattttt ttatattttt tcgcatacgat attaatgttt 480  
 ttgcataactt tgcatacttta ttcaaaatgt taaactttct ttgtcaatct atggacatgc 540  
 ccatatatga aggagatggg tgggtcaaaa aggatataca aatgaagtga taggggtcac 600  
 aatggggaaa ttgaagtggc gcataacatt gccaaaatag tgcggacta gaaatgggtgt 660  
 aaaggctctt ttttttttt taaaagaaa agtatttacc atgtattttg tgaggcaggt 720  
 ttacaacact acaagtcttgc agttaagaag gaaagaggaa aaaagaaaaa acaccaatac 780  
 ccagatttaa aaaaaaaaaa acgatcatag tcttaggagt tcattaaac cataggaact 840  
 ttcatcttat ctcatacgat cttgtaccat cttgtaccat cttgtaccat cttgtaccat 900

ggctttatcg tttattgctg gtttatgacc ttaataaaagt gtaattatgt attaccagca 960  
 ggggtttttt aactgtgact attgtataaa aacaaatctt gatatccaga agcacatgaal020  
 gtttgcacact ttccacccctg cccatTTTg taaaactgca gtcatctgg accttttaa1080  
 acacaatTTT taaactcaac caagctgtga taagtggat ggttactgtt tatactgtgg1140  
 tatgtttttt attacagcag ataatgctt cttttccagt cgtcttgag aataaaggaal200  
 aaaaaatctt cagatgcaat ggTTTGTgt agcatctgt ctatcatgtt ttgtaaaatacl260  
 tggagaagct ttgaccaatt tgacttagag atggaatgt aacttgcTTTca aaaaaattgc1320  
 tattaaactc ctgtttaagg tgTTCTaatt ttctgtgac acactaaag cgaaaaataa1380  
 atgtgaataa aatgtaaaaa attgttggat tttttatgt tctaataata ctgagacttc1440  
 taggtcttag gttaattttt aggaagatct tgcattgccc caggagtaaa ttttattgtg1500  
 gttcttaatc tgaagtttc aagctctgaa attcataatc cgcagtgtca gattacgtag1560  
 aggaagatct tacaacattc catgtcaaat ctgttaccat ttattggcat ttagtttca1620  
 tttaagaatt gaacataatt atttttattt tagctatata gcatgtcaga taaaatcatt1680  
 tacaacaaaa ggggtgtgaa cctaagacta tttaaatgtc ttatgagaaa atttcataaa1740  
 gccattctct tgcatttc aagctctgaa acatTTTaa ctgagtgaga gtctatagaal800  
 tccataactgc agatgggtca tgaaatgtga ccaaATgtgt ttcaaaaattt gatgggtat1860  
 tacctgtat tgaatttgct tagtgcttgg ctaatttcca aattattgtca taatatgttc1920  
 taccttaaga aaacaggTTT atgtacaaa gtaatggatg tgaatggatg atgtcagttc1980  
 atgggcTTT agcatagttt taagcatctt tttttttttt ttttgaagat tttttttttt 2040  
 tcttgtact caaaggataa gacagacaat aatacttcac tgaatattaa taatctttac2100  
 tagtttacct cctctgtct ttgccacccg ataactggat atcttttctt tcaaaggacc2160  
 ctaaaactgtat tgaattttaa gatatgtatc aaaaacatta tttcattttaa tgcacatctg2220  
 ttttgcTTT tttgagcagt gtgcagtta gggTCatga taaatcatgtt aaccacatgt2280  
 gtaacaactg aatGCCaaat cttaaactca ttagaaaaat aacaaatttag gttttgacac2340  
 gcattctaa ttgaaataat ggatcaaaaa tagtggttca tgaccttacc aaacaccctt2400  
 gctactaata aaatcaaaaat acacttagaa gggatgtat ttttagttttag ggtttcttga2460  
 tcttggagga ttttggaaatg tttttttttt aattttttttt aacaaaggact gatTTatggg2520  
 tctttcttat ctttaccaac gttttcttag ttaccttagat ggccaagtagt agtgcctgg2580  
 atgttagtaag actcgtaaaa aaagtggat tttttttttt aactccaaag tgaatagtca2640  
 aaaatcctgt tagcaaaactg ttatattttt tttttttttt tttttttttt aactccaaag tgaatagtca2640  
 attaagatgc attatttttga ttttatttccat tgcctaaaaac actttgggtt gttttttttt 2700  
 agttgggttga ttttcccttca agtgatttttga tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2760  
 tttgtacatc attttttcta acggaaaaaa atgttaatat ggctttttttag tttttttttt 2820  
 aatagcttg agattaagga aaaataaata actcttgcac agttcgtat tttttttttt 2880  
 atctgtatttgc acgtatgtt taatggcatt tttttttttt tttttttttt 2940  
 tataataatc atttgatcca attccttatttgc tttttttttt tttttttttt 3000  
 aaaaaaaaaaa 3060  
 aaaaaaaaaaa 3070

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 31 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2751 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:31:

tggggctgga gtgcactagt cttttgctt ggtagtttg catggtttag ggtaaaaat 60  
aattccgaag atacaccaggc tcacaaatga aaacgtcagc ctctgcggca ccctcccccc 120  
tgcccaaagt gaatttggta ctcagaaaag aactgtttat accactcacc tttctcccg 180  
catgtactca ctgtgggcag atgcaccaat acatggtaat ccttactc attttaagac 240  
gttaggaaact caatattttt ctctaaccat atacgatagg gcttctcgct ttaatgata 300  
tctgggattt ctgtggact tggcaattt tcagagcacc ttcaactcaca taatgtcatt 360  
tgaacctcac aatgttcttgg ggtatggagtc agttgttcag ggtccccgtg tttgtgataa 420  
gcagtgtcgg ctggctgtct tcagaactct tggaaatctt tacacatgcg agtgcataacc 480  
actttgagca aggctgcctt cttgttagatg acttgctgtt ctttatgaca gggatcagt 540  
gcatttgttt cctagcagta ttttagcacct ttttgccacc ttggtaaca gaaaattgt 600  
ttttccctgtc tttcatggct gaaaacaaaa gtaatggaa ttttaatac gtttgcagaa 660  
actgcacctc ccctcattga gggtaactgc tcaagagtgc aggagtggac tctccactga 720  
tgggtctccc tccccatctt ggtttccacc cggggctggc tagctctgtt gggttgaaga 780  
ctgacagcca gcctggctca ttctcattat tggctagttt gctttcttta tcaacctgct 840  
cactcacaaa tgggtggccct cagccagaga gtaagaaaagc ccaaattctgt tacagcttct 900  
aaaaaaaaat tagtcttaatt tggcttactc atgttaggag cattatcttta gaaggtaaaa 960  
catagtgtat cattgtgtaa actcccaggc ttgatgtagc agaagagatc atttctggag 1020  
gcttcagcaa tggaaatttag cattataaga gagattggac aaaccagtc aaagtggcc 1080  
gagttcttaa atccaggttag ggaactcaact cttctttctt ctctggaccc aatttggcat 1140  
tgggtcttag tgagaccaca gaccaggccc gtctctctg taggctttta attcaatggc 1200  
aactcttattt caaagaataaa aagccttgg agagttgcgg cagttctggg ggcgggctca 1260  
ggagagtcata tagatcagcc gtaactgaa cgtagaatct acgtctggct ctgaatggc 1320  
tttcccaccc tcctctcttgc ctctgtatgt tgcctctggg cctctccatg cccaagggtgg 1380  
tctttcatcc ttgacaggct ggtaatgtgc tggccaccc cagctctgc atcagatctg 1440  
taaaccagag ctggttctca tggccttcgt cacgatacca ggatacggag gggagccag 1500  
ggccatccat acccaccctt gggtaacggg gtcggctgg cattagtcat tatttagttt 1560  
ccaggccaaac catccagata gagattccct ctttcccttgc agcagtgtc tcaagagctc 1620  
cgtgcctgtc cacaatgacc tagagtgcatt cctgtcttgc gtcagtgttag cccctggccc 1680  
ctatattcat ccagatatac tggaaatgtctt aaaataggaa gggattcggc tttcaacttt 1740  
gctaccatct tccctgaagc aggaaaatga acatggactt aatgtttt tggaaaaacc 1800  
aaagttttaa gattgtgtt gtgatgaatg gacaggagg gcccggagtc gcaggtgcc 1860  
gactttctgt tctgtctgcc atgggtttgtt ccagctcagg tagctcttagg agcaccatcc 1920  
tgccctagca gagcccgaggc cttggccctca tgaagcatca ttgaaatagc aggagcatgt 1980  
tgatttcttgc tttaggttgc attataataa caagagtcat aacattaaat cgaaacaact 2040  
tgcagtatgc atttcttcac accagtacat tcttaagtgt acttgggtttt aaggaataac 2100  
ataaaactaat ctgtaccttt atatataatgt gtgtgtacat atatacatat ataaactgt 2160  
tagtgtacat ggtaatgatt tattgtctatg cccagatcc ttaatgttagt tctcatctc 2220  
cgcatggccct cagccacaag cgggtgactg actgtttccct gatgatttgg cccacccct 2280  
gtgtttggac ctctaggagg gagggttttgc tgcatactct ctttatccctc gtgcacagaa 2340  
atgctcaggc tccccatgtg cctgttttc agccctctctt cttgttccct ttctgagcat 2400  
gtggcttc cccaggctgt gggacagctg ctttcccacg aaagtgtaaa gcagttttaa 2460  
gatcattact gcatgtgc cccatggac taaaaaccca agttttctat tcccttagga cagaaaattg 2520  
catgtgaggt gggataatcg agtttcagtg acccacgtca gttacacatt aaagccagac 2580  
cccatgataa aatccacaa aatggaaata aaactcaat ttcttttagca ttgtgtaaat 2640  
aaatctgaat gtgtttaact ttgtactgtt aatttctgtt atatttgaa tatttgggtt 2700  
aaaaataaaaaa cagactggac ttgttaccc gactactga aaaaaaaaaa a 2751

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 890 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

```

ggcggccggg agggtgggggg cgatgcggg gacagcgcc tggctaactc ctgccaggca 60
gtccccctcc cggagcgtgc cctcgccgtc gagctcccct gaacagcgc tgcaagcagcc 120
atggcccccgc cctgggtgcc cgccatgggc ttcacgctgg cgcccagcct ggggtgcttc 180
gtgggcctccc gctttgtcca cggcgaggggt ctccgctggt acgcccgc gcagaagccc 240
tcgtggcacc cgcccccactg ggtgctgggc cctgtctggg gcacgctta ctcagccatg 300
ggtagcggct cctacctggt ctggaaagag ctgggaggct tcacagagaa ggctgtggtt 360
ccctgggcc tctacactgg gcagctggcc ctgaactggg catggccccc catttcttt 420
ggtgccgcac aaatgggctg ggccttgggt gatctcctgc tggtcagtgg ggcggccgca 480
gcactaccgt ggcctggta caggtgagcc cgctggccgc ccgcctgctc tacccttacc 540
tggcctggct ggccttcgcg accacactca actactgcgt atggcgggac aaccatggct 600
ggcgtggggg acggcggctg ccagagtgag tgccggccc accaggact gcagctgcac 660
cagcaggtgc catcacgtt gtgatgtggt ggcgtcacg ctttcatgac cactggcct 720
gctagtcgt cagggcctt gcccaggggt cagcagagct tcagaggtgg ccccacctga 780
gcccccaccc gggagcagtg tcttgtctt tctgcatgt tagagcatgt tcttggaaaca 840
tggaaattttta taagctgaat aaagtttttgg acttccttta aaaaaaaaaaa 890

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 693 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

```
cgtccttca tccgggcgtt tgcctgcagc aagatggcg cggtctcaat gtcagtggta 60
ctgaggcaga cggtgtggcg gagaaggcgca gtggctgttag ctgcccttc cgtttccagg 120
gttccgacca ggtcggttag gacttccaca tggagattgg cacaggacca gactcaagac 180
acacaactca taacagttga tgaaaaattt gatatacta cttaactgg cgttccagaa 240
gagcatataa aaactagaaa agtcaggatc tttttccctg ctcgcaataa catgcagtct 300
ggagtaaaca acacaaaagaa attggaaatgt gagtttgata ccagggagcg atggaaaaat 360
cctttgatgg gttgggcatc aacggctgtatccatccatggatc aaccccccgt 420
actaaagaag atgcgtttc ctttgcagaa aaaaatggat ggagctatga cattgaagag 480
aggaagttc caaaacccaa gtccaagttt tatggtgcaa acttttcttg gaacaaaaga 540
acaagagttt ccacaaaaata ggttggcact gacttatct ctgcttgact gtgaataaaag 600
tcagctatgc agtattttata gtccatgtat aataaaataca tctcttaatc tcctaataaa 660
ttggacctt aaactacaaa aaaaaaaaaaaa aaa 693
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1054 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

```

gcagctcaca cgactgctgc agccggcgct gggcccaggc accaccgcgg tgctgctgct 60
gcagatctcc acgcggccgg aggatctcg ggagacagt tcgtccctca agttccgg 120
ccgagtggtt caagtggagc tggggccagc cggcgccgc agggtccccg gtcctccgg 180
gacgccttct tcctcagca cgcacactcc gtcacccggg accccctgca cccctacgcc 240
gtccccctggc agtccctcat gccccagtc cgacaaacggc tcgggctcgg ctctcgcc 300
cgcagagggc ctgccccctt agtcctgggt cgcgccctg cccatgggtt ctcagggcc 360
gtctctgctg gcagagggcg tagtaaagtc cctgtacccc gtctcccaagg gcacaagctc 420
cctagcctct ttgatccat tgccccttagt ctcggcaggat gacccctcca cctccgcagc 480
cagtgaagtg tggatgcct gctgaagtga tcacccccc ccccccggcc tgcatcaggc 540
cacaggctt ggcttctcc ttatcaccat ttgtgttat cacggcacac agcagggaaat 600
cccaggcccc cccgccaagt ggttacccaa gtcaccactc ctgacccaaa aatcaggcat 660
ggcattaaaaa cgttgcataat tccttactg ttatcccccc caccaccagg accatgtagg 720
gtgcagtctt tactccctaa cccgtttccc gaaaaagggtg ctacccctt tccagacaga 780
ttagagaggg caggacttca ggctggatcc accactggc tctccctccc ccagcctgga 840
gcacgggggg ggaggtgacg gctgggtgact gatggatggg tagtgggctg aqaagagggg 900
actaggaagg gctattccag gctcagccct gtcctgcag ctggccgct gatgttagga 960
aaaacaggca tgacagacca gggtgagggg tggccacgg tggccacgg ccatgcgtgg 1020
ggtggcccaa taaacaccgt ggactcccaa aaaa 1054

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 541 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

```

aaaaatattt gctggaaagg acgggtggag gattacaggc gtgagccact gcgccggcc 60
acattcagtt cttatcaaag aaataaccca gacttaatct tgaatgatac gattatgccc 120
aatattaagt aaaaaatata agaaaagggtt atcttaataa gatcttaggc aaaataaccag 180
ctgatgaagg catctgatgc cttcatctgt tcagtcattt ccaaaaacag taaaataaac 240
cacttttgtt tggcaatat gaaattttta aaggagtaga ataccaaatac atagaaaacag 300
actgcctgaa ttgagaattt tgattttta aagtgtgtt ctttctaaat tgctgttcc 360

```

taatttgatt aatttaattc atgttattatg attaaatctg aggcagatga gcttacaagt 420  
attgaaaataa ttactaatta atcacaaatg tgaaggatcg catgatgtaa aaaatacaaa 480  
cattctaatt aaaggctttg caacacaaaaa gaaagaaaaa aagaaaagaa aaggaaaagg 540  
g 541

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1187 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

cggctcgagg ccattcacca acccgccccg caaggacgga gcaatgttct tccactggcg 60  
acgtgcagcg gaggaggcga aggactaccc ctttgccagg ttcaataaga ctgtgcaggt 120  
gcctgtgtac tcggagcagg agtaccagct ttatctccac gatgatgctt ggactaaggc 180  
agaaactgac cacctctttg acctcagccg cccgcttgc acgtttatcca 240  
tgaccggat gaccaccaggc agttcaagaa gcgttctgtg gaagacctga aggagcggta 300  
ctaccacatc tggcttaagc ttgccaacgt gcgggctgtg ccaggcacag accttaagat 360  
accagtattt gatgctgggc acgaacgacg gcggaaaggaa cagcttgagc gtctctacaa 420  
ccggacccca gagcagggtgg cagaggagga gtacctgcta caggagctgc gcaagattga 480  
ggccccggaag aaggagcggg agaaacgcag ccaggacctg cagaagctga tcacagcggc 540  
agacaccact gcagagcagc ggcgcacggc acgcaaggcc cccaaaaaaga agctacccca 600  
gaaaaaggag gctgagaagc cggctgttcc tgagactgca ggcataaagt ttccagactt 660  
caagtctgca ggtgtcacgc tgcggagcca acggatgaag ctgccaagct ctgtgggaca 720  
gaagaagatc aaggccctgg aacagatgtc gctggagctt ggtgtggagc tgagccgac 780  
acctacggag gagctgggtgc acatgttcaa tgagctgcga aggaccttgtt gctgtctac 840  
gagctcaagc aggctgtgc caactgcgag tatgagctgc agatgtgcg gcaccgtcat 900  
gaggcactgg cccgggctgg tggcttaggg ggcctgcca caccagcatc aggcccaggc 960  
ccggccctctg ctgagccggc agtgactgaa cccggacttg gtcctgaccc caaggacacc 1020  
atcattgtatg tggggcgc acccctcacg cccaaattcga gaaagcgcacg ggagtccggc 1080  
tccagctcat ctccctgtaa gaaagccaag aagccgtgag agggcccacg ggggtgtggc 1140  
gacgctgtta tgtaaataga gctgctgagt tggaaaaaaa aaaaaaaaaa 1187

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2281 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

gggttagaaat cggttagagcc agaaaactcac ttttgatgtt ggtgtgcccc tagtggcgag 60  
ctggattcta aatcgtgccccc ttattccct gcagccctga agttcagtcc atcttgaaga 120  
tctcccaacc tcaggagccct gagcttatga atgccaaccc ttcttcctcca ccaagtcctt 180  
ctcagcaaat caacccctggc ccgtcgccca atccctcatgc taaaccatct gactttcact 240  
tcttggaaat gatcgaaaaag ggcagttttt gaaaggttct tcttagcaaga cacaaggcag 300  
aagaagtgtt ctatcgagtc aaagttttac agaagaaaagc aatcctgaaa aagaaagagg 360  
agaagcatat tatgtcgagg cggaaatgtt tggtaagaa tggtaagac cctttcctgg 420  
tggcccttca cttctctttc cagactgctg acaaattgtt ctttgtccca gactacatta 480  
atgggtggaga gttgttctac catctccaga gggaaacgctg cttccctggaa ccacgggctc 540  
gtttctatgc tgctgaaata gccagtgccct tggcttaccc gcattcactg aacatcggtt 600  
atagagactt aaaaccagag aatattttgc tagattcaca gggacacatt gtccttactg 660  
acttcggact ctgcaaggag aacattgtt acaacacgac aacatccacc ttctgtggca 720  
cgccggagta tctcgccaccc gaggtgttcc ataaggacgac ttatgacagg actgtggact 780  
gggtggctt gggagctgtc ttgttatgaga tgctgtatgg cctgcccct ttttatagcc 840  
gaaacacagc tggaaatgtac gacaacattc tgaacaagcc tctccagctg aaacccaaata 900  
ttacaattt cgcacccatc ctcctggagg gcctccgtca gaaggacagg acaaagcggc 960  
tcggggccaa ggatgacttc atggagatta agagtcatgt cttcttc ttaattaactl020  
gggatgatct cattaataag aagattactc ccccttttaa cccaaatgtg agtggggccal080  
acgacccatcg gcactttgac cccgaggtaa cggaaagagcc tggcccttac tccattggccal140  
agtccctgtc cagcgccctc gtcacagcca gcgtcaagga agctgcccggag gctttccatgl200  
gctttcccttca tgcgcctccc acggactctt tcctctgaac cctgttaggg cttgtttt1260  
aaggattttt tggatgtttc cgaatgtttt agttagcctt ttggtgagac cgccagctgal320  
caggacatct tacaagagaa ttgcacatc tctggaaatgat tagcaatctt attgcacactl380  
gttcgcttggaa agcttttgc agagcacatt ctccctcgtg agctcatgag gtttcatttl440  
ttattcttcc ttccaaacgtg gtgttatctc tgaaacgagc gtttagatgtc cgccttagac1500  
ggaggcagga gtttcgttag aaagcggacg ctgttctaaa aaaggtctcc tgcagatctgl560  
tctgggctgt gatgacgaat attatgaaat gtgcctttc tgaagagatt gtgttagctcl620  
caaagctttt cctatcgccag tgtttcgtt ctttattttc ctttgcgtat atgctgtgtgl680  
aaccgtcggt tgagtgtggat atgcctgatc acagatggat ttgttataaa gcatcaatgtl740

gacacttgca ggacactaca acgtgggaca ttgtttgtt cttccatatt tggaagataa 1800  
atttatgtgt agactttttt gtaagatacg gttataact aaaatttatt gaaatggct 1860  
tgcaatgact cgtattcaga tgcttaaaga aagcattgct gctacaaaata tttctat 1920  
tagaaagggt ttttatggac caatccccca gtttcagtc agagccgtt gtgttttca 1980  
ttgtttaaaaa tgcacacctgt aaaaatggca ttatTTATGT tttttttttt gcatccctga 2040  
taattgtatg tattgtataa agaacgtctg tacattgggt tataacacta gtatatttaa 2100  
acttacaggc ttatTTGtaa tgcattaccac cattttaatg tactgttaatt aacatggta 2160  
taatacgtac aatccttccc tcattccatc acacaacttt ttttgcgtgt gataaaactga 2220  
ttttggtttgc caataaaaacc ttgaaaaata tttaaaaaaaa aaaaaaaaaa ggggcggccg 2280  
C 2281

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:40 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1759 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

gcggcggccgg ttgaactgac tcggagcgag gagacccgag cgagcagacg cggccctggc 60  
gcccgcctg cgcaactcacc atggcgatgc atttcatttt ctcagataca gcggtgcttc 120  
tgtttgattt ctggagtgtc cacagtccgt ctggcatggc cctttcggtt ttgggtctcc 180  
tgcttcggc tgtaactgtat gaaggcatca aggttggcaa agccaagctg ctcaaccagg 240  
tactggtgaa cctgccaacc tccatcagcc agcagaccat cgcagagaca gacggggact 300  
ctgcaggctc agattcattt cctgttggca gaacccacca caggtggat ttgtgtca 360  
ttggccagtc tctaattccat gtcatccagg tggtcatgg ctacttcattc atgtggccg 420  
taatgtccctt caacacccctt attttccctt gtgtggctt gggctctgt gtgggtact 480  
accttagctt cccacttctc agcacagctt agctggtagt gaacgtgcag gcactgaggt 540  
tggagggaca tggagccccc tcttccagac actataacttca caactgcctt ttcttctgtat 600  
ggctatccctt ccacccctt ggaaactttt agctgaagcc agcacttgct 660  
ccctggagtt cggaaaggccat tgcagcaacc ttcccttctca gccagccatc atagggccca 720  
ggcatggct tgggtctttaa gacagctgt gtgacccaaag ggagaatgg gataacaggg 780  
gtggcagggt tactgagccc atgacaatgc ttctctgtga ctcaaaccagg gaatttccaa 840  
agatttcaag ccagggagaa gggttcttgg tgatgcagg catggaaacctt ggacaccctc 900  
agctctccgt ctgtgtgcct tatctacagg agcatcgcccc attggacttc ctgacccctt 960

ctgtctttga gggacagaga ccaagctaga tccttttct cacctttctg ccttggAAC1020  
 acatgaagat catctcgct atggatcatg ttgacaaaact aagtttttt tattttccC1080  
 attgaactcc tagttggcaa ttttgcacat tcataaaaaaa aaatttttaa tgaaatgatt1140  
 tcattgattc atgatggatg gcagaaaactg ctgagaccta ttcccttc ttggggagag1200  
 aataagtgc acgtgatcaa aggtagagac acaggactgc ttccaggctc ctggtttatt1260  
 ctctgataga ctgagctcct tccaccagaa ggcactgcct gcaggaagaa gatgatctgal320  
 tggccgtggg tgtctggaa gctttcgtg gcctcaatgc cctcctttat cctcatcttl380  
 cttctatgca gaacaaaaag ctgcataa taatgttcaa tacttaatat tctctatttal440  
 ttacttactg cttaactcgta atgatctagt gggaaacat gattcatca cttaaaaatacl500  
 tgattaagcc atggcaggta ctgactgaag atgcaatcca accaaagcca ttacatttt1560  
 tgagtttagat ggactctct ggtatgtga acctttcac tttataaaaa aggaaagagal620  
 gaaaatcact gctgtatact aaataacctca cagatttagat gaaaagatgg ttgttaagctt1680  
 tgggaattaa aaacaaacaa atacatTTA gtaaatatat aaattttaaa tagaaaaaaaaal740  
 agaaaaaaaaagt agcagggt 1759

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1447 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

ggtctacctc tggggataac cgccccagtt gccagagaaa caataacgtc attatttaat 60  
 aagtcatcg tgattggtcc gcccctgagg ttaatcttaa aagcccagg taccgcgg 120  
 aatttatgtc gtccggtcac cgtgacaatg cagctgagga acccagaact acatctggc 180  
 tgcgcgccttg cgcttcgtt cctggccctc gttccttggg acatccctgg ggctagagca 240  
 ctggacaatg gattggcaag gacgcctacc atgggctggc tgcactggg ggcgttcatg 300  
 tgcaaccttg actgccagga agagccagat tcctgcatca gtgagaagct cttcatggag 360  
 atggcagagc tcatggtctc agaaggctgg aaggatgcag gttatgatgt cctctgcatt 420  
 gatgactgtt ggatggctcc ccaaagagat tcagaaggca gacttcaggc agaccctcag 480  
 cgcttcctc atgggatcg ccagctagct aattatgttc acagcaaagg actgaagcta 540  
 gggatttatg cagatgttgg aaataaaacc tgccgcaggct tccctgggag tttggatac 600  
 tacgacattg atgcccagac ctttgctgac tggggagtag atctgctaaa atttgatggt 660  
 tgttactgtg acagtttggaa aaatttggca gatggttata agcacatgtc ctggccctg 720  
 aataggactg gcagaagcat tgtgtactcc tgtgagtggc ctctttatat gtggccctt 780

caaaaagccca attatacaga aatccgacag tactgcaatc actggcgaaa ttttgctgac 840  
attgtatgatt cctggaaaag tataaagagt atcttggact ggacatctt taaccaggag 900  
agaattgttgc atgttgcgttgg accagggggt tggaatgacc cagatatgtt agtgattggc 960  
aactttggcc tcagctggaa tcagcaagta actcagatgg ccctctggc tatcatggct1020  
gctcccttat tcatgtctaa tgacctccga cacatcagcc ctcaagccaa agcttcctl1080  
caggataaagg acgtaattgc catcaatcag gacccttgg gcaagcaagg gtaccagctt1140  
agacagggag acaactttga agtgtggaa cgacctctct caggcttagc ctggctgtal200  
gctatgataa accggcagga gattgggaa cctcgctttt ataccatcgc agttgcttcc1260  
ctgggtaaag gagtggcctg taatcctgcc tgcttcatca cacagctcct ccctgtgaaa1320  
aggaagctag ggttctatga atggacttca aggttaagaa gtcacataaa tcccacaggc1380  
actgttttgc tttagctaga aaataacaatg cagatgtcat taaaagactt actttaaaat1440  
gtttaaa 1447

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 831 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

ggagtccctc ttgctcaccc ttgacttggaa aaaaccaggat tctcttttat tgcgtttac 60  
taatctctat tctaaaaatt cagctcaatt ctcaaccata ctccaaactc tctctttcc 120  
agctacccctt actccctctc cttcaattcc actttccctt gcttactttt tttttttttc 180  
tgacagggtc tcactttgtc gccccggcag gagtgcagtg gctcaatctt gggctcaactg 240  
cagcctcaac ctccccagagg cggggtttca ccatgttgc cagactgtc ttgaactcct 300  
gagcttaagc aatccacctg cctcggcctc ccaaagtgtt gggatcacag gcgtgagcaa 360  
ccgcatccgg cctcatgttc tttttcatta aagagagaaa tcaactattc aggaccggcc 420  
cccacccccc ctcaggagtc atttctgttc cgcacaggcc tgctgaactg ggtgctttat 480  
ataggatttc agtggagtgaa agttcaggag gcatggagct gacaaccatg aggccctggc 540  
agccaccggcc accaccggcc cggccaccac cgtagcagca gcagcagcag cagcagcagc 600  
agcagcagca gcaagagtaa ctctgactta ggaatagaga cagccagaga gaaatgtgat 660  
caatgaagga gacatctggc gtgtgcgtgc ttcttcaggag ggacgggtga tggcagatt 720  
ggaaaaaagca cgcagatgg gaaccttaat ctcttttc taaaatttgat gctatgaaaa 780  
tttgcgtttt ctgtaacttg taaaaactaa aagttgccccg tctactgaaa a 831

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    - (A) LÄNGE: 528 Basenpaare
    - (B) TYP: Nukleinsäure
    - (C) STrang: einzeln
    - (D) TOPOLOGIE: linear
  - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

```
acgaagctga ctcctggcca ggccagcccc tggttcccta cccataccgg tgtgagcttg 60  
cgcagctcac gccttacctc cctccctctg gctgcagat ctctcaactc aagatccga 120  
agtacatctgt gtttgcaca aactaccccc tcaccatttc agggaaagatc cagaattca 180  
aacttcgaga gcagatggaa cgacatctaa atctgtgaat aaaggcgcgc gcctgtcctg 240  
gccgggttgc ttgactctct cctgtcagaa tgcaacctgg ctttatgcac ctagatgtcc 300  
ccagcacccca gttctgagcc aggcacatca aatgtcaagg aattgactgaa acgaaactaa 360  
agctccctgga tgggtccggg aactcgcctg ggcacaagggt gccaaaaggc aggcagcctg 420  
cccaggccct ccctccgtc catccccccac attccccctgt ctgtccttgt gatttggcat 480  
aaagagcttc tgttttcttt ggctaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaa 528
```

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:**

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    - (A) LÄNGE: 1027 Basenpaare
    - (B) TYP: Nukleinsäure
    - (C) STRANG: einzeln
    - (D) TOPOLOGIE: linear
  - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:44 :

```

ggctttgtcc ttgtctcctg ctcgggttgg accatgggac cttaaagcg tgcagggttcc 60
tgatttggac agagggtgtgg ggccttccag gccgttacat acctcctgcc aattctctaa 120
ctctctgaga ctgcgaggat ctccaggcag ggttctcacc tctggagttt gaccaattac 180
ttcattttgc ttcaaatggc caattgtgca gagggacaaa gccacagcca cactttcaa 240
cggttaccaa actgtttttt gaaatttcaca ccaaggtcgg gcccactgca ggcagctggc 300
acacgtggcc cgaggggctg tggAACGGGT cccggaaactg tcagacatgt ttgatttttag 360
cgtttccccc gttcttcaaa tcagggtgccc aaataagtga tcagcacagc tgcttccaaa 420
taggagaaac cataaaaatag gatgaaaatc aagtaaaaatg caaagatgtc cacactgttt 480
taaacttgac cctgatgaaa atgtgagcac tggtagcaga tgcctatggg agaggaaaag 540
cgtatctgaa aatggtccag gacaggagga tggaaatgaga tcccaagatc ctcacaccc 600
aatgaattat acatgtgcct taccaggta gtttttttcc gaagataaaa aactctagtc 660
cctttaaacg tttggccctg gcgtttccctt agtacgaaaa ggttttttaag tcttcgaaca 720
gtctcccttc atgactttaa caggattctg cccctgagg tggtaattttt ttgttctatt 780
tttttccacg tactccacag ccaacatcac gaggtgtaat ttttaatttg atcagaactg 840
ttaccaaaaa acaactgtca gttttattga gatggggaaaa atgtaaacct atttttatta 900
cttaagactt tatgggagag attagacact ggagggtttt aacagaacgt gtattttatta 960
atgttcaaaa cactgaaattt acaaatgaga agagtctaca ataaatthaag atttttgaat 1020
ttaaaaaa

```

1027

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2160 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:45 :

acttcctcca agtgataatc cagattttga tccagaagag gatgaaccac gcttggaggcc 60  
tcttggcctc acatacagtt ggtatatgaa ttcttcttga gatTTTgga gagccctgtat 120  
ttccagccta gcattgc当地 acgatacatt gatcagaaaat tcgtacaaca gctccctggag 180  
cttttgata gtgaagatcc cagagaacgt gacttcctga agactgttct gcacccgaaatt 240  
tatggaaat ttcttggatt aagagcattc atcagaaaaac aaattaacaa cattttccctc 300  
aggTTTtat atgaaaacaga acatttcaat ggtttgc当地 aacttcttga aatatttagga 360  
agtattatca atggcttgc attgccactg aaagcagaac ataaacaatt tctaattgaag 420  
gttcttattc ctatgcatac tgcaaaaagga tttagtcttgc当地 ttcatgctca gctagcatat 480  
tgtgttgc当地 agttcctgga gaaagataca acactaacag agccagtgtat cagaggactg 540  
ctgaaaattt ggccaaaaac ctgcagtc当地 aaagaggtga ttgttttagg agaaattgaa 600  
gaaatcttag atgtcattga accaacacag ttcaaaaaaaaaa ttgaagagcc acttttcaag 660  
cagatatacc agtgtgtatc cagttctcat ttccagggtt cagaaaggcc attgtacttc 720  
tggaaaataacg aataatattct tagtttgatt gaggagaaca ttgataaaaat tctgccaatt 780  
atgtttgcca gtttgc当地 aatttccaaa gaacactgga atccgaccat ttagcactg 840  
gtatacaatg tgctgaaaac cctaattgaa atgaatggca agctttcga tgaccttact 900  
agctcataca aagctgaaaag acagagagag aaaaagaagg aatttggaaacg tgaagaattta 960  
tggaaaaaat tagaggagct aagactaaag aaagctctag aaaaacagaa tagtgcttac1020  
aacatgcaca gtattctcg caatacaagt gccgaaaaaa aaaaaagcct cccacccctgl080  
ccggataggc agagtttgc当地 atgctttttt gaaatatgta aaaattacaa aacaacaccc1140  
atcagtataa tataattaaa aggccaattt ttctggcaa ctgtaaaatgg aaaaatataat1200  
ggactaaacg tagccctgtg ctgtatcatg gccatagttat attgtactt ttgtctaattc1260  
attggatttta ttgtgtcact tctgaagttt cacagaaatg aatgaattttt atcatctatgl320  
atatgagtga gataattatg ggagtggtaa gaattatgac ttgaattctt ctttgattgtl380  
gttgcacata gatatggtag tctgctctgt atattttcc ttttataat gtgctttcal440  
caactgctgca aacccttagtt acatcttagg aaaaataact tcctaaaata aaactaaagg1500  
atcatccctt cccttcttcc tgc当地 cccatcttcc agaaaatatga tggggggaaat tacctgc当地1560  
aaccctcccc tcaataaaata cattactgta ctctggaaatt taggcaaaaac tttaaatctc1620  
caggctttt aaagcacaaa atataaataa aagctggaa agttaacccaa aattcttc当地1680  
attgttcttc atgaatatacc cccttccctt gcaattctcc agagtggtaa cagatgggtal740  
gaggcagctc aggtgaatta cccagctgc ctctcaattt attcttccctt ttccctctcaal1800  
aggctgaagg caggccctt ccagtc当地 ccaactcttcc ttccctctt ccctccctgac1860  
ccaggggatgg aggctttgag tcccacagtg tggtgataca gagcactagt tgtaactgcl1920  
tggctttatt taaaggaact gcagtaggtt ccctcttgc当地 agctctgaaa aggttgact1980  
tataagggtc ttgtatgttt ttacttgc当地 aagtattttt cacaatctt gttatcagag2040  
taccattcca atctttaac ttgcagttgt gtggaaaact gttttgtat gaaagatctt2100  
cattgggggaa ttgagcagca tttaataaag tctatgtttt gttttgc当地 taaaaaaaaa2160

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 642 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STrang: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:46 :

```

cgacggggccg cgcgccctggc gcatgcgcgc cggcgaccac qcctaaatag ccgcagccctc 60
tgcgcgtcgc cctccacggc tacccccggc ctccgcggc ctttcgcgc ggcgtcgagg 120
gaccatggcc gatcctcgcg tgagacagat caagatcaag accggcggtgg tgaagcggtt 180
ggtaaaaaaa aaagtgtatgt atgaaaaaaa ggccaaacaa caagaagaaaa agattgaaaa 240
aatgagagct gaagacggtg aaaattatga cattaaaaag caggcagaga tcctacaaga 300
atccaggatg atgatccccag attgccagcg caggttggaa gcccgcattt tggatcttca 360
acggatacta gaaaatgaaa aagacttggg agaagcttagt gaatataaag aagcacgtt 420
agtactggat tcagtgaagt tagaagcctg aaacttttct cgtatgggggt ggttttgca 480
ttaaattctg ggtccattt tacaatccat tatttttgcac cactgctaat tgtggtcaag 540
gagggtatgag gaattgtcga ttgggtttta gctggttaca atataagatt cgtttgcgtt 600
atttgacaat gcaaagaaaa tgggggcacc cgattaaaaaa aa 642

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1415 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:47 :

```

ggcatctggc agaggggggt ggggctggc cagctgggtt agagcggagg agcgggtgcc 60
ggctgaagcg gggcggtggg cgccggagcga atgggggcac cgacaccact cctcaccggc 120
agccgggtgc tgagggccgc ggtgtgggtt cgccggacagt cagggcgcag gtgggcagcg 180
cgcacggcct gccagcccg ggcgccagaa tcctgcgtt cggggccgag aggggcgcgg 240

```

```

cgccccccgc agcctggagc tttccgcgaa cctcggggcg cccatgacgg cgccggcgac 300
ggctaccgtg ctcaggagg gcgtgcttga gaagcgcagg gcccggctgc tgcaagctgtg 360
gaagcggAAC gctgcgtcct caccgaacgc gggctgcagc tcttcgaggc caagggcacg 420
ggccggccggc ccaaggaggct cagcttcgccc cgcataagg cctgtggagt cgtggagagc 480
accggggcgcc acatctactt cacgctggtg accgaagggg cggcgagatc gacttccgct 540
gcccccttga agatcccggc tggAACGCC agatcacccct aggccctggtc aagtcaaga 600
accagcagggc catccagaca gtgcggggcc ggcagagcct cgggaccggg accctcggt 660
cctaaaccac cggccgcacc atcttcctt catgtaccc accacacttag tgctgagggtc 720
aaggcagett cgttgttccc tctggcttggt gggggcacgg ctgtgctcca tgtggcaagg 780
tggAAggcat ggacgtgtgg aggaggcgct ggagctgaag gaatggacga gcccggag 840
gagggcagaa ggctacgcag ggctgaggat gaagatgcag cccctggat gtcccgact 900
ctcaggacat gcccagctca ggggcttcga gccacaggcc tggcctata tggcatgagg 960
gggagctggc ataggagccc cctccctgtc tgggtcctgc cctctgtcct gcagactgtc1020
cttagcccccc tggctttgtg ccaggectgg aggagggcag tccccatgg ggtggcggagc1080
caacgcctca ggaatcagga ggccagcctg gtacccaaag gagtacccag ggcctggta1140
ccaggccac tccagaatgg cctctggact caccctgaga agggggagct gctgggccta1200
aagcccactc ctgggggtct cctgtgtctt aggtcctttt gggaccccca cccatccagg1260
ccctttctt gcacacttct tccccccacct ctacgcattt tccccccact gcggtgttcg1320
gcctgaaggt ggtgggggtg aggggggggtt tggccattag catttcatgt cttttccaa1380
atgaagatgc cctgcaaagg gcagtaacca caaaa 1415

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2949 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:48 :

```

gcgcaggcgc agtggtgagc ggcaacatgg cgtccaggct taagcggcgt gccgtggaaa 60
gtggggttcc gcagccgccc gatccccag tccagcgcga cgaggaagag gaaaaagaag 120
tcgaaaatga ggatgaagac gatgtatcaca gtgacaaggg aaaggatgaa gaggacgagg 180
tcattgacga ggaagtgaat attgaatttg aagcttatttc cctatcagat aatgattatg 240
acggaattaa gaaattactg cagcagctt ttctaaaggc tcctgtgaac actgcagaac 300
taacagatct ctttatcaa cagaaccata ttgggagtgt gattaagcaa acggatgtt 360

```

cagaagacag caatgatgat atggatgaag atgaggaaaa tggtttcata agccctttaa 420  
 atttaactga aagaaaagggt acccagtgtt ttgaacaaat tcaagagggt gttctacgct 480  
 tctgtgagaa gaactgtgaa aagagcatgg ttgaacagct ggacaaggaa ttaaatgaca 540  
 ccaccaagcc tggggccctt ctccaaatgt aaagattcat taatgtccct ccacagatcg 600  
 ctctgcctt gtaccagcag cttcagaaaag aactggcggg ggcacacaga accaataagc 660  
 catgtggaa gtgctacttt taccttctga ttagtaagac atttgtggaa gcagaaaaaa 720  
 acaattccaa aaagaaaacct agcaacaaaaa agaaagctgc gttaatgtt gcaaatgcag 780  
 aggaagaatt tttctatgag aaggcaattc tcaagttcaa ctactcagtg caggaggaga 840  
 gcgcacacttgc tctgggaggc aaatggtctt ttgatgacgt accaatgacg cccttgcgaa 900  
 ctgtgtgtt aattccaggc gacaagatga acgaaaatcat ggataaactg aaagaatatc 960  
 tatctgtcta acccatttcc aatggacagt gatgggctt gttttgtaaa attaccagaal020  
 aactcagttgg agatttactg aaaaactcag actttattca gattaagttc ctctacaaaal080  
 agtagggttc tgcccattgt gtctctgaca catttacaaa ataccaggaa tttaaaattt1140  
 tggtcaattt atgagtgggtt gattttaaaaa cttttccaag aagaagaaaaa gcatggagtcl200  
 gtaattttaa gaactcaata aaaacttcta ttttttattt taaaataata tacacagtgtl260  
 tattttcttc aagaccgtcc tggatgtt aaatccgtct tcgcgtcatg tatctccat1320  
 atccagcagt tcagccatcc agctacccctt gggaccctgc tgacccctgt gtttgcgtgg1380  
 gagtcacttgc agagtgcac tctgttcaagt ttcaggcac gtcacacaca tttgcgttcl440  
 cttatttattt gttgacacacag gggatagtg atccactact tgctgttagaa tgtccttact1500  
 ttcaacttagga ggcagattac tggatgtt ttgtggtacc agctgcataa atagttcagg1560  
 agagatttctt gaggtaatcc tggatgttagt ttcttcagaa atgctgaatt tatgaaagag1620  
 gacccacttgc ggcattttctt tggatgttga gtaaccacac agggggatgca gctgagcaac1680  
 ctgttatgtt gtcaggcatta agtagttacc tgatccatca acatccccgag caatctgcatt1740  
 aaagttaaccg gacagaagag ctttctttt gtttagagtg ttttccttgg agccaaaagc1800  
 aggttctgcg tagggaaagctt cgatttcgtt gataatttctt aagagttcag ctgcataac1860  
 atctgcatttctt ctgagtgtctt aacagtttagt gaaatgtca cgacaccact tttccacaca1920  
 gtactcaactg ctggatgttca gggatgttgc ttgttaagcc ttgttaatgc tgatgagggt1980  
 aaagtgtatctt ccttcggat gttttttttt cttccaaacaa gtcaggcag ccttttcagc2040  
 tccatgtggc acatgtgaaa agcaatttttgg agctgttacc atggccgcga ttgttagcac2100  
 ttcatctaca cagtccaaattt cacaggacgc taagatagac ttgcagatgtt gtggatcaag2160  
 aggaaaactctt gacatgtatgtt ttccaaattt agaaagattt ccattttttt ccagtgtgc2220  
 cagataatctt aagtcttcca atgcctgcata caaatttttt ggtgtggc tggttcatgaa2280  
 gtcacagtgg ccttagccccg caatgttcat ctttttttccata aaaagccacca tgcttgttag2340  
 gttggcttcc tgcattttctt ctggcttca gtcgttccatg tctttggagg caaatttttc2400  
 agtgtacagg cagaaaaattt ttccctgaaga agatgagccca agaatctgtc tgcttatctc2460  
 tgcctggcctt tggatgttgc gtcgttgcata gaggagttt gtcatttttcc tcgggttgc2520  
 cacctttttt cttttccacac ccacatcgat aacaaatctt actgagttgc tccagatcaa2580  
 aaactcttcca gagcttagtag ttaacaccac ttttttttca taaacttggc atcttttttc2640  
 tggatgttgc agtggcttgc acaatgtatgtt ttcccttttggatcaaaag gaacaaccac2700  
 cagttcttcca agatctgggtt ttaggtttaga tccctgtatgtt ggtatcaaaag agacttttc2760  
 aatatcttgc tcaacggcca gaaagactac aatgtcaccct ttctcaccctt agtggatgttgc2820  
 ttcaaaatgtt gggcgtaaaaa tagactcaaaa agaattttttt tgaccccttac taaggttacac2880  
 aacctccaca ggggttttat ttttcaattc tatgacagggc acgtttccat aataagaattt2940  
 gagtttgctt 2949

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 665 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

**hergestellte partielle cDNA**

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

```
cctagacccg tccggtcgca gactgtcctc cgagacgctt cctgtccgg ggcgtcgac 60
cgactgaaac ggccggccat aatacattgc gatggcggtt aggcgtgtgg gggccggagcc 120
agggccggaa gttagagcgga ggtggggcg gcggaggctt tggcagctcg ggactgagtg 180
caagaatcatc catgattctt cagaggctct tcaggttctc ctctgtcatt cggtcagccg 240
tctcagtcca tttgcggagg aacattggtg ttacagcagt ggcatttaat aaggaacttg 300
atccatataaca gaaactcttt gtggacaaga ttagagaata caaatctaag cgacagacat 360
ctggaggacc tggatgtctt agttcagagt atcagcaaga gctggagagg gagctttta 420
agctcaagca aatgttttgtt aatgcagaca tgaatacatt tcccaccc 480
atcccaaatt tgaagtcatc gaaaaacccc aggccctgaag aaataaaagta aaattaatct 540
ggtaatttgtt cacggatttag ttgtacaact agttagaagt ttcagaataa acatgcattt 600
cataactgtc aaatgttctt ttaattctga gtccaaataa attatgggt gatgtgaaa 660
aaaaa 665
```

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:50 :**

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 904 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:50 :

```

tcaccaccga gtgatgtgct gaggcctcct gcagtgaatg ctcccttccat tcctgtactc 60
aggcagtgcc attcagcaca ggagagctct tttgcctt ggcttcaat tccaaaacat 120
gatttaattt ctaactaaat tagtatggca ctatgttatga agtatctgct taaaaccctt 180
catcatgata tcctgtggat taaaaactc taattccatg ttttcttccc atctgcctt 240
tatatctcat caccctgctt atcaatattc agtttcatgta gcactattaa ctaaaatatg 300
aaacttaaaa acaaaagcaa gttgtcctt aaagttctt ttttaagttt attgttgaca 360
tactgcaaatt ttcttatgca aacttgccctc ctgtgttat ctgtgaagct cagggaaatcc 420
aaacatttgt gttcaacaa gggacagtaa actgtgtgtt tacagccaaa agaaatgcct 480
catagttctt aacctaact tttgtagaag tattttttc tctgtaatat ttttattggc 540
tcataaaagat gtttcatat ctgaactcct aaataagtga aattacagta gattatatta 600
acaaaatact ttttaggtag ccatgcttga gactttttaa aaatataact tttcctttaa 660
agttttcagc tatagcaaaa ggtagttatg tatgccagac ctaatatgag ctgccaccaa 720
ccccctttaga actttcagcc atgggtgtctt cagaattgtt ggcgcattttt gaatcttaggc 780
aaatccctt ttaccctgtt gaatgtttt aatgccttga ctctaccagc gcccataaaat 840
gatctctagg aagggtgtttt aggtaccaat tctgtttttt caacttttga aggtaaaaac 900
ccccg

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1239 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

```

cgaaggcagg cgcaaggaggc aagcgcatat tggggcggc tgggtcagct gaccgaagg 60
gccttcgagg tgcccttaggc cgcttcctt gctctcagaa tcgtgcggc catggctagt 120
cagtctcagg ggattcagca gctgtcgag gccgagaagc gggcagccga gaagggtgtcc 180
gaggccccca aaagaaagaa ccggaggtg aacgcaggcca aagaagaagc tcaggctgaa 240
attgaacagt accgcctgca gagggagaaa gaattcaagg ccaaggaagc tgccgcattt 300

```

ggatcccggtg gcagttgcag cactgaagt gagaaggaga cccaggagaa gatgaccatc 360  
 ctccagacat acttccggca gaacaggat gaagtcttgg acaacctctt ggctttgtc 420  
 tgtgacattc gcccagaaat ccatgaaaac taccgcataa atggatagaa gagagaagca 480  
 cctgtgtgtt ggagtggcat tttagatgcc ctacacgata tgaagcttag cacagctcta 540  
 gttacattct tatgatatgg cattaaatta ttccatata ttatataata ggtccttcca 600  
 cttttggag agtagcaaat ctagctttt tgtacagact tagaaattat ctaaagattt 660  
 catctttta cctcatattt ctttagaatt taatggttat atgttgcctt ttcccttat 720  
 gtctttggc tcaagcaaca tgtatatcg tgttgcattt ttcttcctt gatctagttt 780  
 aaaaaaaaaa aaaaccacat aacaattttt tgaagaaagg aagggattaa ataattttt 840  
 tccctaacac ttcttgaag gtcagggct ttatctatga aaaagtagta aatagttctt 900  
 tgtaacctgt gtgaagcage agccagccct aaagtagtcc attcttgctt atggttagaa 960  
 cagtgaatac tagtggat gtttggctg ctttagttt ctcttaatca aaattactagl020  
 atgatagaat tcaagaactt gttacatgtt ttacttgggt tatcgataat cattaaaagl080  
 taaagactct gtcatgcataa tttaacccca tattttttt ttccctgtct ccgtgacaac1140  
 cagtggctt tcatttttga tcatgcgaaa tgcatcttga cccagatggt ctgcagaact1200  
 tcacttagga cattagcaca caaatagcac acatatctt 1239

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:52 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 966 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

gcccgtggaa cccttagtcca acatggcgcc gcccagcgaa ggggtggaaacg gcgtcggcg 60  
 gagcttgtgg gcccgcgtgc tccttaggggc cgtggcgctg aggccgggg aggccgtgtc 120  
 cgagccccacg acgggtggcgt ttgacgtgcg gcccggcgcc gtcgtgcatt cttctccca 180  
 taacgtgggc cccggggaca aataatacgta tatgttcaact tacggctctc aaggaggac 240  
 caatgagcaa tggcagatga gtctggggac cagcgaagac caccagcaact tcacctgcac 300  
 catctggagg ccccaggggaa agtcctatct gtacttcaca cagttcaagg cagaggtgcg 360  
 gggcgctgag atttagtacg ccatggccta ctctaaagcc gcatttggaaa gggaaagtga 420  
 tgccttcgtt aaaactgggg aatttgaagt gaccaaaaaca gcagtggctc acaggccccgg 480  
 ggcatttcaaa gctgagctgtt ccaagctgggtt gattgtggcc aaggcatcgc gcactgagct 540  
 gtgaccagca gcccgttgc ggggtggcacc ttctcatctc cggtaagct gaagggggct 600

```

gtgtccctga aaggccagca catcaactggt tttcttaggag ggactcttaa gttttctacc 660
tgggctgacg ttgccttgct cggagggct tcgcagggtgg ctgaaggcct gggcagaga 720
acagagggtc cagggccctc ctggctccc acagcttc acgttcccact tcctgctgag 780
ctcttcctgga ctcaaggatcg cagatccggg ggcacaaaaga gggtggggaa caagtgggg 840
ctattttgg gaaaaaaaac ccatggttcc cctaactttg agccggggag tgcttaatt 900
gggcttgaaa ccttttttc cggttttcc ccagggggcc gtccctttaa attaaacttg 960
agaaag                                              966

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 556 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:53 :

```

taaagctgcg gcggcggttc gcgtttctcg tgccgcttg actgacagct gcgccggcggg 60
agcggggcgc gcgagcgaaa ggcggcgccg cagagcttgg ggcttccttgc gtcgcaccca 120
ccacctgcct gcccactggc tggccttcag ggaccctgag caccgcctgg tctctttctt 180
gtggccagcc cagaactgaa gcgctgcggc atggcgcgcg cctgccttcca ggcgtcaag 240
tacctcatgt tcgccttcaa cctgctcttc tggctggag gctgtggcgt gctgggtgtc 300
ggcatactggc tggccgcccc acaggggagc ttgcacacgc tgccttccttc cttcccggtcc 360
ctgtcgctgc ccaacactgtc catcatcacc ggcgcctttg tcatggccat cggcttcgtg 420
ggctgcctgg gtgccatcaa ggagaacaag tgccctctgc tcaactttttt ccggtgctgc 480
tggttggagg ccaccatcgc catcctcttc ttgccttaca cggacaagat tgacaggtat 540
gcccagcaag acctga                                              556

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:54 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1349 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:54 :

```

cgggggagtg aggagaaaagg gggggcttgg cggccggagg aggagtaggt gcgggtgaag 60
atggcggcag ccgaggccgc gaactgcatt atggaggtgt cctgtggcca ggcggaaagc 120
agtgagaagc ccaacgctga ggacatgaca tccaaagatt actacttta ctcctacgca 180
cactttggca tccacgagga gatgctgaag gacgaggtgc gcaccctcac ttaccgcaac 240
tccatgttcc ataaccggca cctttcaag gacaagggtgg tgctggacgt cggtctggc 300
accggcatcc tctgcatttt tgctgccaag gcccggggccc gcaaggatcat cgggatcgg 360
tgttccagta tcttgattt tgccgtgaag atcgtcaaaag ccaacaaggat agaccacgtg 420
gtgaccatca tcaaggggaa ggtggaggag gtggagctcc cagtggagaa ggtggacatc 480
atcatcagcg agtggatggg ctactgcctc ttctacgagt ccatgcctaa caccgtgctc 540
tatgccccgg acaagtggct ggcccccgtt ggcctcatct tcccagaccc ggccacgctg 600
tatgtgacgg ccatcgagga cccgcgtac aaagactaca agatccactg gtgggagaac 660
gtgtatggct tcgacatgtc ttgcataaa gatgtggcca ttaggagcc cctagtggat 720
gtcgtggacc ccaaacagct ggtcaccaac gcctgcctca taaaggaggt ggacatctat 780
accgtcaagg tggaaagacct gacattcacc tccccgttct gcctgcaagt gaagcggaa 840
gactacgtgc acggccctggt ggcctacttc aacatcgagt tcacacgctg ccacaagagg 900
accggcttct ccaccagccc cgagtccccg tacacgcact ggaagcagac ggtgttctac 960
atggaggact acctgaccgt gaagacggc gaggagatct tcggcaccat cgcatgcgg 1020
cccaacgcca agaacaaccg ggacctggac ttccacccatcg acctggaccc caaggccag 1080
ctgtgcgagc tggctctgctc caccgactac cggatgcgt gaggccccggc tctccccc 1140
tgcacgagcc caggggctga gcgttccatg gcggtttcgg ggctccccc tccctccct 1200
ccctcccgca gaaggggggtt ttaggggctt gggctggggg gatggggagg gcacatcgtg 1260
actgttttt tcataactta tggtttata tggttgcatt tacgccaata aatcctcagc 1320
tggggaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaagga 1349

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2021 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:55 :

ctctgtctca aaagagaaaa aaaaagaaaa gtaacttca gagattctta gaagagttgc 60  
tcattcacac ccacgcctt gcccaaggct ggccactta gagcgaaact taactttgt 120  
ctggatggga agagaagtaa gtctaccccg aggttgcatt ttgaagagt gagaggtcca 180  
agtgattctg tgcattgaaa ccaagacacc ccacccagaa cacttcttc ctccctcagc 240  
ccaaacccaa ggctggggtt ctcatctcca agtggctgtt ctccaacttt cccaaagccgc 300  
ttgcattccc cagactggac tactgtggcg tttaggttag atttgaagac gggggccagg 360  
ctgggtatga acgggtgcag ccctcttctc ctctcccccc ccacatctct catgagagag 420  
gtagtggcat ttccctctca gggagcttca atggaaagg ttcgaaagc ttcaggagga 480  
gcagaataacc aacgcagggg gatggctgtt acgatctcac cgtctccaa cctcagtccc 540  
tttttgaga gtgaatgggg gaggggtggga agggacccag attttagat ctcttgtct 600  
gggggggggg aaggatgtgg ttgcagagc ggaagcagag ttggaaacg catgagagca 660  
gagcttcgtg tttccacc ctcagtgagg aggtgtgagt gggtgagcat gtggagttgg 720  
gtgttccac ctcagtgag gaggtgtgag tgggggtgca tataaggcgtt gtgcctgctg 780  
tggggtcaca actggtgcat gccagcgcctt aagggacccat tcttttaggg tcatttcagc 840  
cagctcctcc catcacagat gacagctcca agcctagaag gggctcaatg acagggccag 900  
gacaagccct caggactgtg gcctccctggc cttgggttcc cctggccccc aacatggct 960  
ccacatggct ggctggctgg ctgtccctgt gtgtgtgtga cacacgggtt gagtgcagggl020  
ctgtgccccc ggtgggaggg tgcctatgtg gcactgactg tcttagctca gagctgggggl080  
atcctctcca tgacaatga cactttaagg attgtctgg ttgttttc ctatttggtgg1140  
ggtattttcc ccttcaggct cttgggtctg ctgtgcctc aagggtctt gacccgtggg1200  
ctgatgaggg gacccctgco tggggggggg atactgagtt cttagggaggt gctcaccggca1260  
gactcttagg aagggtctag agaaatgaga ggagcccaag ccagggggca gctccgagaal320  
aggtaacct ccacgccttct ctctcccaa ttgaaatga agacagggtt tcaaaggcac1380  
aggctcccccc tgccagcttc taggatcttc cttgggtgtgc aatggggccag ttagggtagl440  
gcagctgca cccagttctc ctatctca acttattttc ctggggagag gtgcctagagl500  
ggattgaggt aacttcaact gggattcca aggaagggtgg gcaagtagcc ttggctctctl560  
cccaccatgt ccatcaggat tgaggtgtg tctagctccc gaccactttg tcttgaccata620  
ctgaaaagtt gggactgag ggggtccctt atccccctt gttcaatctc tccagctcaal680  
cttggactt ggggtgggg actggagacc tcacccctgc tcccgtcccg cccctttct1740  
atcccaacct gttccatgt agcagaccct tcctagggag cagggagggg aagccacaga1800  
ttgcaaaccc aggggtccct tttcatttct ttctaaaacc ttgatatctt cagcccaaag1860  
gcatgcccc cctgcccaccc ccaagctgg aattgtgcatt aacccggatc ttgtatctt1920  
gtataacgga tggatattgt acgaaggca gttcgtaaac agcacttgg ttttaataa1980  
aagaatgttt tgcaaaaaaaaaaaaaaaa tccgaaaaaaaaaaaaaaa a 2021

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:56 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 900 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: lin ar

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:56 :

```

gcgaccgcct ctactggaaat tttgaccctgt tgaaggtaa ggctctggaa ggcttccccc 60
gtctcgtggg tcctgacttc ttggctgtg cgagcctgcc aacactttcc tctgaccatg 120
gcttgatgc cctcagggggt gctgaccctt gccaggccac gaatatcagg ctagagaccc 180
atggccatct ttgtggctgt gggcaccagg catggactg agcccatgtc tcctcagggg 240
gatgggggtgg ggtacaacca ccatgacaac tgccgggagg gccacgcagg tcgtggcac 300
ctgccagcga ctgtctcaga ctgggcaggg aggctttggc atgacttaag aggaagggca 360
gtcttgggcc cgctatgcag gtcttggcaa acctggctgc cctgtctcca tccctgtccc 420
tcagggtagc accatggcagc gactggggga actggagtgt ctttgcgtta tccctgttgt 480
gaggttcctt ccagggctgt gcaactgaagc aagggtgctg gggccccatg gccttcagcc 540
ctggctgagc aactgggctg tagggcaggg ccacttcctg aggtcagggtc ttggtaggtg 600
cctgcatctg tctgcctct ggctgacaat cctgaaaatc tggctccag aatccaggcc 660
aaaaagttaa cagtcataatg gggaggggta ttcttcatgc aggagacccc aggccttgg 720
ggctgcaaca tacctaatac ctgtcccagg ccggatccctc ctgaaggcctt ttgcagca 780
ctgctatctt ccaaagccat tgtaaatgtg tgtacagtgt gtataaacct tcttcttctt 840
ttttttttt aaactgagga ttgtcattaa acacagttgt tttctaaaaaaa aaaaaaaaaa 900

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1212 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:57 :

```

ggcggggccct gcgggcggac cgccgcgaa gccgcacggg agacgacgag gaggagccgg 60
aagatgcgga cgaggcggga gttccccgtg atctccgtgg tgggtacac caactgcgga 120
aagaccacgc tcatcaaggc actgacgggc gatgccgcca tccagccacg ggaccagctg 180
tttgcacgc tggacgtcac ggcccacgcg ggcacgctgc cctcacgcac gaccgtcctg 240
tacgtggaca ccatcggtt cctctccag ctggccgcacg gcctcatcga gtccctctcc 300
gccaccctgg aagacgtggc ccactcgat ctcatcttc acgtgagggc cgtagccac 360
cccgaggcgg agtccagaaa tgcagcggtc tgccacgcgct gcgtggcctg cagctgccc 420
ccccgcctt ggactccatg gtggaggttc acaacaaggta ggacctcggt cccgggtaca 480
gccccacggc accgaacgtc gtgcccgtgt ctggccctgcg gggccacggg ctccaggagc 540
tgaagctga gctcgatgcg gcggttttga aggcgacggg gagacagatc ctcactctcc 600
gtgtgaggct cgcaaggcgc cagtcaagtc gctgtataag gaggccacag ttcaaggaggt 660
ggacgtgatc cctgaggacg gggcggccga cgtgagggtc atcatcagca actcagcccta 720
cgccaaattc cggaaagctt ttccaggatg aacggacgcc cacagaggcc tgccgggtgg 780
ggcatacgct gcctggggag ctgaggcggtt accgctgtgt tggggcagc ttgggtgtcag 840
gtgcaggcagg gtccctccttgc tctggttctg caccgcgtctc gctcccgaccc atttgctggg 900
atgaccgtgc aggccggta cacggccgca cctggcccaaa agccccccgc ccgagcgtcc 960
actccaaagcc ttagcatcca cacaattcca gtggggccctc ggtgcctgtgt gtgaactgct1020
ttccctcggaa atgtttccgt aacaggacat taaaacctttg attttacttc agtaaaaaaaa1080
aaatccagtt ctcctgcac ctgcccgtgag ccgtggcctg gtggcaccga cggccccc1140
gcccggctgt ctgtgttac agatggtctc ggtttccat ggtgggtcgg gggaaatgac1200
aaaaatcag gt 1212

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 494 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:58 :

```

ctcccttaggt acaaataagcc ctgggctctg cagctccaca ggctcctggg gtggagtcca 60
aatcactcat tggttgtgaa agctgagctc acagcaaaaac aagccaccat gaagctgtcg 120
gtgtgtctcc tgctggcac gctggccctc tgctgctacc aggccaatgc cgagttctgc 180
ccagctcttg ttctctgagct gttagacttc ttcttcattt gtgaacctct gttcaagttta 240
agtcttgcca aatttgatgc ccctccggaa gctgttgcag ccaagtttagg agtgaagaga 300
tgcacggatc agatgtccct tcagaaacga agcctcattt cggaagtctt ggtgaaaata 360
ttgaagaaat gtatgtgtg acatgtaaaa actttcatcc tggtttccac tgtctttcaa 420
tgacacccctg attttcaactg cagaatgtaa aggttcaac gtcttgctt aataaatcac 480
ttgctctcca cgtc                                         494

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 729 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:59 :

```

tttttttcct tggaaagcag gagtttattt ttatcctttt gtaagtatta actcggtaat 60
cacaacaaac acggagcaat ctcaatgtc tttatccgga ggacagtctg cggggtcgtg 120
acgattcttt tcttcttgaa gtttttcctt ttccctgaatc tcataatgtat tcttggccat 180
gattctgtct ttcaatgac tgggtttctt actcgaacaa gatcctttcc gaggagtggc 240
ttgccaagca gcgtgaagtt gtctgccccca accagcagga ccttctccag tcgaattctc 300
tctccacacg caaggtctag ttcatttcca attaagatca ggtcttcaga ggtcaccc 360
caactggcggc tggcaaaagtg caccacggca aagagcctgc cataactgccc cgtgacgatc 420
atctcattca ccttcttcac gacctctgca tgggtctgg tctcctcaac tgggtctggc 480
agaacaactt ctggccaagg tggtaactc agggatgttt taggaacata tcctggtaga 540
tatgaagtgc tctgtgaatt gaaccttcga gaagcagacc aaagggaggc tgctccgggc 600
cccgaaaggtc tcaggatgct gtggctgcac gcggacgcca gccgccctaa ggtgaccgtc 660

```

agggaaagatg ctgccatggc cgccgccatc ttcccgccagc ctcggccgga aacggaaacg 720  
acgcgaacc 729

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:61 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1315 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:61 :

cagaggctct tttttaaatac ttggggaaat cataccact gaggaataga ggccagggca 60  
gatcaggcct gcgtggattg tgggtcatgt agggaaagc aaggaggaag acgcttggaaat 120  
cattgtcagg actgagaata tggtgtgagt tgcttttgag ggtggccatg tgagcacctt 180  
ggccagatta atctcttcc cccctccatg atggtggcag gggcaggagc tgacttcgtg 240  
atgctgggtg gcatgtctggc tgggcacagt gagtcaggtg gtgagctcat cgagagggat 300  
ggcaagaagt acaagctctt ctatggaaat agttctgaaa tggccatgaa gaagttatgct 360  
gggggcgtgg ctgagttacag gtatgttgg aggcccagga gcttagtaat agtatggagg 420  
cagaactcat ggctgcttag agggggatgg tacagttctc agagaagcat ggtgaaccgg 480  
ggctcaatgc tagggtctgt ggaaaatgtcc ctgggcttaa ggaatccaga aggagaagat 540  
aataaaatgtt ttcttacttt aagagcctca gagggaaaga cagtggaaat tcctttaaa 600  
ggagatgtgg aacataccat ccgagacatc ctaggaggga tccgctctac gtgtacctat 660  
gtggggagcag ctaagctcaa agagttgagc aggagaacta ctttcatccg agtcacccag 720  
caggtgaatc caatctttag tgagggctgc tagaccttag cagttcttacc ctcccaaggc 780  
accagtactc taccatgggg catccccaaat ggggtcctca cccatcccaat ctactgcagc 840  
tctgtattac ttgttcattt cctgttgtct cactccttag ggtctctgca gtaactctgt 900  
acttctctat ctgcacacac aaaatggccca aggactcac tggggaggaa gcaaggaagc 960  
aaacagtctg agaaaaatgtat gcaagaaaaat caaatggaa tctggggacc caacacaaca 1020  
tcctgaagat tattaaaagg aaaatgtctt gatgttaca taaaatctttt acatggcctt 1080  
ggtcttagagg aggcaggctt tttagaattat gttttttttaa tccgcttccat taaaattggac 1140  
cttcacatcat ctaaaaaatgtt ctgaagttt tgtatattt aaataacctca ataaagagag 1200  
agctcattga ctgtaaaaaaaaaaa aattctgtac aaggcttagca tctgggtgct 1260  
gctgcagagt ggggtgggtggt agggtcagca ctgaccctcagg tgggtcaaga acaat 1315

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2011 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:62 :

tagaatattc atgtgagttc attcctccct gctgagattt ttcagctcct cttccctgc 60  
tataccgact ggacttgaac actaagtctt caatagctga gattctccat cttaatctac 120  
ttggaggcaa gagcagattt gttgtttcat tatggatgaa ggggatgatg gtaaccttat 180  
tatcaaaaag aggtttgtgt ctgaggcaga actagatgaa cggcgcaaaa ggaggcaaga 240  
agaatgggag aaagttcgaa aacctgaaga tccagaagaa tgtccagagg aggtttatga 300  
ccctcgatct ctatatgaaa ggctacagga acagaaggac aggaagcagc aggagtaac 360  
ggaacagttc aaattcaaaa acatggtaag aggcttagat gaagatgaga ccaacttcct 420  
tgatgaggtt tctcgacagc aggaactaat agaaaagcaa cgaagagaag aagaactgaa 480  
agaactgaag gaatacagaa ataacctcaa gaaggttgg atttctcaag agaacaagaa 540  
ggaagtggaa aaaaaactga ctgtgaagcc tatagaaacc aagaacaagt tctcccaggc 600  
gaagtgttgg caggagctgt gaagcataag agctcagaga gtggcaacag tgtaaaaaga 660  
ctgaaaccgg accctgagcc agatgacaag aatcaagagc cctcatcctg caagtctc 720  
ggaaacaccc ctctgagtgg cccctccatc cactgcccct ctgctgcagt atgtatcggc 780  
atccctccca gctgggtgc ctactctggg agcagcgact ccgagtccag ctcagacagc 840  
gaaggccacca tcaatgccac cggaaagatt gtctcctca tcttccgaac caacaccc 900  
ctcgaggccc cctagttct ccgtccctac acagggagct cctccccaa ggtagatcgg 960  
accgttcatg ctgcctatacg gcattatgtc cctcaaaaaaa aaactcctt gcctgcattcc 1020  
tgtgtacaac atgacattt taaccaatcc aatctaaaaa tgtgccagaa tccacctgtg 1080  
gcccgaatcg tttttggttc ctctttctac tccactgcag atgaccaaac ctgtcccgct 1140  
gccactttcc tcactgatat tgggaggagg gcaaggccca gccgaagttc cactaaaaat 1200  
gccccaggag aataggcacc ggctggcttgc ccaaagggtt tgggtttat tgcttctgt 1260  
tttttctttt cccgacagca caaagaagta agggcagttt ttggacaggt gttattnaa 1320  
cattctattt taaatgaatg tttttttgg ttctactgca ttgtggagca tgcggggaa 1380  
gagaactgac ccaggtaatg aaatggagcc ctccctgga actaaccagt ccttgatgtt 1440  
gtgtgactaa gtaaagatga taaacccat ctgctggggg tgcacttca cactcggcat 1500  
gcattgtgaa agcttccat acccttggcc attccctctc tcctctctc ccaacccat 1560

ttatgcagga agggactgct aacaagaacg cttccatctc aaacctttc tctgcctggg1620  
 aaattattt atgtttgtt ttgaaataaa ggatttagtt taagattcta aatttttagag1680  
 aaacaaacgt aggccctgtt tactaatagc cagacatcg aactgcagg aggtatgtta1740  
 atgagatgac ttatctgg cagctcctgg aatctaata ttgtaaaatga gtggacacal800  
 cttgcattt gtgaccattc tattgagcc cttctctgtt taatgcataat tatacttgtg1860  
 cttaactg tggaaatctat ttctaaccct aagtgctgc cctagtactt ttctttgct1920  
 gcctctgtg ctctttcc ttttccaaac agcaaactct gaggccatga gcagccaaa1980  
 actagaggtc ctgctccacc tcgtctcata a 2011

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:63 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2009 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:63 :

aggggggata gaagggacag gggatcgaga aagagagaaa gaaaatgaga gaggtagaag 60  
 acgagatgt gactatgata aggaaagagg aaatgaacga gaaaagaaaag gtccaaggaa 120  
 cagagaagta ggggagaggt agaagagaag aaacataaaag aagacaaaaga tgataggcgg 180  
 cacagagatg acaaaaagaga ttccaagaaa gagaaaaaaac acagtagaag cagaagcaga 240  
 gaaaggaaac acagaagtag gagtcgaagt agaaatgcag gaaacacgaa tagaagtaga 300  
 agcaaagaga aatcaagtaa acataaaaat gaaagtaaaag aaaaatcaaa taaacgaagt 360  
 cgaagtggca gtcaaggaag aactgacagt gttgaaaaat caaaaaaaacg ggaacatagt 420  
 cccagcaaag aaaaatctag aaagcgtagt agaagcaaag aacgttccca caaacgagat 480  
 cacagtata gtaaggacca gtcagacaaa catgatcgca gaaggagccca aagtatagaa 540  
 caagagagcc aagaaaaaca gcataaaaac aaagatgaga ctgtgtaaa atattttgt 600  
 aaagtggatc acattgaatc ctataaatga ttaaatctgc tttttcccc cacgttgaga 660  
 ttgtgcagta gttcgactc ctcagctct ccctgttaggc tgcattttca tttcccttt 720  
 cgtgttagga agtgccttg taattccatt tattgcattt gtgtttcac ccaattgtta 780  
 agtttgatac atgatgcaca gattgttctt gcattttat tttttgttt taaaatgtac 840  
 agtctgtaca tatgtcctga aatgttttta attcctttgg catggttgcc atgttggta 900  
 aattttgtata aggaaataaa ctgcccactaa tctatttttt tttttaggt gtgggattat 960  
 ggtttggta ctgaagtttag catggctgtg ctttcgtaa tagaatgcta aagactttga1020  
 gaatggatct tggatgtcta ttataggaga agtatgtctt gccaatgtac aagaaggcag1080  
 cattgttagga ttaacattct tgcactgtt atattatctt ggaaggctct tgttaatatg1140

ttacacttaa tattctccac agttacccctt agagagaatt tatgagaagt tagtttctgal200  
 tgcagagggtt ttaggctgt gatttcatca aaagtccttt tagcattcta cctcaaagggl260  
 acattagta tgcctaaaat ttattcactt agtttcctt ttttatttga aaaaatacatl320  
 gacatgtaat cttttttct tgaattctt ctcaagatttt aaagtactat attaaagaaal380  
 aaaattaatg tctaaagcct agcattctg cagaacccta tactaacatg taatggggagl440  
 agggtggggc agatgagtag agaaaacagat tcaagcctca agcttccaaa gcatttttat1500  
 aaatggaaaa tccttaaattt atgaaacagc ttgatatagt gtccttttt taaaattcagl560  
 aactttttt attgataatg gagattgtg tttgagtttt taaaacttaat ctagaacagal620  
 ggagtattaa aagaatatgt gtgctgcatt attaagact atcagcaaattattgtatagl680  
 attgttctta caacttgtat tctgattaca gaaccatcat gagtggtgaa taaatactgg1740  
 attaaatcct ttatcctggg tcttggctt tcccccattt gttaaatttt tttagcatatl800  
 ttatattgtg gaaattgtat aaacgtcaat agagtacac tttgttaca gggatgtcttl860  
 agtgcggaga tgacaagtga attttgaga aatgcataga ctgggattgg gcatgtgtta1920  
 atcaataatc ttatattgaa tacttgataa tggcagttcc ctggcgtca ggttggta1980  
 tgtgtcattt gattactttt ttccatgtc

2009

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:64 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2269 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:64 :

gcctggccct tgcaaaaaag gccagctggt tggggaaaca gccccagttc tggtcgaaga 60  
 gcagggtctg gactggatca gctaccaagt ggagaagaac aagtacgacg caagcgccat 120  
 tgacttctca cgatgtgaca tggatggcgc caccctctgc aattgtgcc ttgaggagct 180  
 gcgctggc tttggccctc tgggggacca actccatgcc cagctgcgag acctcacttc 240  
 cagctttct gatgagctca gttggatcat ttagctgctg gagaaggatg gcatggccct 300  
 ccaggaggcc ctagacccag ggcctttga ccagggcagc ccctttgccc aggagctgt 360  
 ggacgacggc cagcaaggcca gcccctacca ccccgccagc tggcgcag gagccccctc 420  
 ccctggcagc tctgacgtct ccacccgagg actggtgctt ctcggagctc ccactcctca 480  
 gactccgggtg gaagtgacgt ggacctggat cccactgtat gcaagctt ccccaagcgat 540  
 ggttttcgtg actgcaagaa gggggatccc aagcacggga agcggaaacg aggcccggccc 600  
 cgaaagctga gcaaaagagta ctgggactgt ctcgaggggca agaagagcaa gcacgcgccc 660

agaggcaccc acctgtggga gttcatccgg gacatcctca tccacccgga gctcaacgag 720  
 ggcctcatga agtgggagaa tcggcatgaa gggtcttca agttcctgcg ctccgaggct 780  
 gtggccaac tatggggcca aaagaaaaag aacagcaaca tgacctacga gaagctgagc 840  
 cgggccatga ggtactacta caaacgggag atcttggAAC ggggtggatgg cccggactc 900  
 gtctacaagt ttggcaaaaa ctcaagcggc tggaaaggagg aagaggtct ccagactcg 960  
 aactgagggt tggaaactata cccgggaccA aactcacggA ccactcgagg cctgcaaacc1020  
 ttcctggag gacaggcagg ccagatggcc cttccactgg ggaatgcTCC cagctgtgct1080  
 gtggagagaa gctgatgttt tgggttgatc tgacccatcg tcttggact cggagactat1140  
 ggcctcgctt ccccacccctc ctcttggaat tacaagccct ggggtttgaa gctgacttt1200  
 tagctgaag tggatcttct ttatctggt gcctcctcaa acccagtctc agacactaa1260  
 tgcagacaac accttccTCC tgcagacacc tggactgagc caaggagggcc tggggaggcc1320  
 cttaggggagc accgtgatgg agaggacaga gcaggggctc cagcacccctc tttctggact1380  
 ggcgttccacc tccctgctca gtgcTTGGC tccacgggca ggggtcagag cactcccta1440  
 ttatgtgct atataaaatat gtcagatgt catagagatc tattttttctt aaaaacattcc1500  
 cctccccact cctctccac agagtgcTGG actgttccag gcccctccagt gggctgtatgc1560  
 tgggacccctt aggtatgggc tcccagctcc tttctcctgt gaatggagggc agagaccc1620  
 aataaaagtgc cttctggct ttttctaacc tttgtcttag ctacctgtgt actgaaattt1680  
 gggccttgg atcgaatatg gtcaagaggt tggagggggag gaaaatgaag gtctaccagg1740  
 ctgagggta gggcaaaggc tgacgaagag gggagttaca gatTTCTGT agcaggtgtg1800  
 ggcttacaga cacatggact gggctgggag gcgagcaaag gaagcagctg agactgttgg1860  
 agaacgctta caagacttca tgcaagcaag gacatgaact cagaacactg aggtcagaag1920  
 catcctgctg tcatgacacc gctcgagtga ctttgacccctt gaccaagtct gtcctgtt1980  
 ggactgattt ttccttattag gctagggtt ggacctgatg ttctcaagat gtctagaatt2040  
 gcatggctgg ctttggaa tagatgggtt tgcatTCAG ccaagtgtgc tgtaaactgt2100  
 atatctgtaa tatgaatccc agcttttgag tctgacaaaaa tcagagttag gatcttgtaa2160  
 aggtggagat gagtaattgc tgagaaaagaa tgggggaagg agttggcatt tggtgaaagt2220  
 atagtctttt tctctgggtt ttttaatttca acttttac ttttagattt 2269

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:65 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1874 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:65 :

aaaaaaaaacc tctaatatt ctggagtcat cattcccttc gacagcatt tcctctgctt 60  
tgaaaggccc agaaaatcagt gttggccatg atgacaacta cagaaaaacc agaggcagct 120  
tctttgccaa gaccttcaa agccattta ggctgttagg ggcagtggag tgaaatgac 180  
tccttgggta ttagagttc aaccatgaag tctctaacaa tgtatTTCT tcacctctg 240  
tactcaagta gcatttactg tgtcttttgtt ttgtgcttagg cccccgggtg tgaagcacag 300  
accccttcca ggggttaca gtctatttga gactcctcag ttcttgccac tttttttt 360  
aatctccacc agtcatttt cagaccttt aactcctcaa ttccaacact gattccct 420  
tttgcatctt ccctccttcc ttcccttgta gcctttgac tttcatttga aattaggatg 480  
taaatctgct caggagacct ggaggagcag aggataatta gcatctcagg ttaagtgtga 540  
gtaatctgag aaacaatgac taattcttgc atatTTGTA acttccatgt gagggtttc 600  
agcattgata ttgtgcatt ttctaaacag agatgaggtg gatatcttac gtagaacatt 660  
ggtattcgct tgagaaaaaa agaatagttt aacctatttc tctttcttta caagatgggt 720  
ccaggattcc tctttctctt gccataaaatg attaattaaa tagctttgt gtcttacatt 780  
ggtagccagc cagccaaggc tctgtttatg ctttggggg gcatatattg gttccattc 840  
tcacccatcc acacaacata tccgtatata tccctcttac tcttacttcc cccaaattt 900  
aagaagtatg gaaaaatgaga ggcattttcc ccacccatt tctctccca cacacagact 960  
catattactg gtaggaactt gagaacttta tttcaagtt gttcaacat ttaccaatc 1020  
tattaataca atgatgttat ttgcaattcc tgctccttagg ggaggggaga taagaaacc 1080  
tcactctcta caggtttggg tacaagtggc aacctgttc catggccgtg tagaagcatg 1140  
gtgccctgge ttctctgagg aagctgggt tcatgacaat ggcagatgta aagttattct 1200  
tgaagtccaga ttgaggctgg gagacagccg tagtagatgt tctacttgi tctgctgtt 1260  
tctagaaaaga atatTTGGT ttccctgtata ggaatgagat taattccctt ccaggtat 1320  
tataattctg ggaagcaaaa cccatgcctc cccctagcca ttttactgt tattctat 1380  
agatggccat gaagaggatg ctgtgaaatt cccaaacaaac attgtatgtc acagtcatg 1440  
agtctgggag tgggaaagtg atcttttgtt cccatcctt tcttttagca gtaaaaatag 1500  
tgagggaaaa gggagggaaa aggaaggatgat gggaaataccct gtgggtgtg tgatccctag 1560  
gtcttgggag ctcttggagg tgcgtatc agtggatttc ccatccctg tggaaattaa 1620  
gtaggctcat ttactgttt aggtctagcc tatgtggatt ttttccctaaac atacctaag 1680  
aaacccagtg tcaggatggt aattcttatt cttcggttca gttaagttt tcccttcatc 1740  
tgggcactga agggatatgt gaaacaatgt taacattttt ggtgtcttc aaccaggat 1800  
tgtttctgtt taacttctta taggaaagct tgagtaaaat aaatattgtc ttttgtatg 1860  
tcaaaaaaaaaaaa aaaa 1874

1874

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:66 :

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 687 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STrang: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

**(iii) HYPOTHETISCH: NEIN**

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

**(vii) SONSTIGE HERKUNFT:**

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:66 :

```

gggccaagtg ccccagtca gactgccta taaatgccga gcctgcacag ctctggcaaa 60
cactctgtgg ggctcctcggtttgacaga gtgcaagacg atgacttgca aaatgtcgca 120
gcttggaaacgc aacatagaga ccatcatcaa caccctccac caatactctg tgaagctggg 180
gcacccagac accctgaacc agggggaaatt caaagagctg gtgcgaaaag atctgcaaaa 240
ttttctcaag aaggagaata agaatgaaaaa ggtcatagaa cacatcatgg aggacctgga 300
cacaaatgca gacaaggcgc tgagcttcga ggagttcatc atgctgttgg cgaggctaac 360
ctgggcctcc caccgagaaga tgcacgaggg tgacgagggc cctggccacc accataagcc 420
aggcctcggtttggggcacc cctaagacca cagtggccaa gatcacagtg gccacggcca 480
cgcccacagt catggtgcc acggccacag ccactaatca ggaggccagg ccaccctgcc 540
tctacccaac cagggccccggggctgtta tgtcaaactg tcttggctgt gggcttaggg 600
gctggggcca aataaaagtct cttccctccaa gtcagtgctc tgtgtgcttc ttccaccttt 660
ctgcaagcct gcctttccag ggggtgtg 687

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1528 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:67 :

```

gagcaacgct ggagcatccc gctctgggtgc cgctgcagcc ggcagagatg gttgagctca 60
tgttcccgct gttgctcctc cttctgcct tccttctgtatggctgccc cccaaatca 120
ggaaaatgct gtccagtgggtgtgtacat caactgttca gcttctgggaaatggtagttg 180
tggtcacagg agctaataca ggtatcgggaggagacg caaagagctg gtcagagag 240
gagctcgagt atatggatctggggatgt tgaaaaagggg ggaattggtg gccaaagaga 300
tccagaccac gacagggAAC cagcagggtgtggcggaa actggacactg tctgataacta 360
agtctattcg agctttgtct aagggtttct tagctgagga aaagcacctc cacgtttga 420
tcaacaatgc aggagtgtatgtgttccgt actcgaagac agcagatggc tttgagatgc 480
acataggagt caaccacttg ggtcacttcc tcctaaccctc tctgctgcta gagaaaactaa 540

```

aggaatcagc cccatcaagg atagtaaatg tgtcttccct cgcacatcac ctgggaagga 600  
 tccacttcca taacctgcag ggcgagaaat tctacaatgc aggccctggcc tactgtcaca 660  
 gcaagcttagc caacatcctc ttccacccagg aactggccc gagactaaaa ggctctggcg 720  
 ttacgacgta ttctgtacac cctggcacag tccaatctga actggttcgg cactcatctt 780  
 tcacgagatg gatgtgggtgg cttttctctt ttttcatcaa gactcctcag cagggagccc 840  
 agaccagcct gcactgtgcc ttaacagaag gtcttgagat tctaagtggg aatcatttca 900  
 gtgactgtca tgtggcatgg gtctctggcc aagctcgtaa tgagactata gcaaggcggc 960  
 tgtgggacgt cagttgtgac ctgctggcc tcccaataga ctaacaggca gtgccagttg1020  
 gacccaaagag aagactgcag cagactacac agtacttctt gtcaaaaatga ttctccttc1080  
 aggttttcaa aaccctttagc acaaagagag caaaaccttc cagccttgcc tgcttgggt1140  
 ccagttaaaaa ctcaagtgtac tgccagattc gtctaaatgt ctgtcatgtc cagatttact1200  
 ttgcttctgt tactgccaga gttactagag atatcataat aggataagaa gaccctcatal260  
 tgacctgcac agctcatttt ctttctgaaa gaaactacta cctaggagaa tctaagctat1320  
 agcagggatg atttatgcaa atttgaacta gcttctttgt tcacaattca gttcctccca1380  
 accaaccagt cttcacttca agagggccac actgcaacct cagcttaaca tgaataacaal440  
 agactggctc aggagcaggg cttgccaagg catggtgat caccggagtc aagttagttcal500  
 agaccagcct gccaacatg gtgaaacc 1528

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71 :**

- (A) LÄNGE: 212 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

**(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71**

RDTVVGDGTE RSVTASRASA PRPWQSQTDS DSDSEGGAAAG GEADMDFLRN LFSQTLISLGS 60  
 QKERLLDELT LEGVARYMQS ERCRRVICLV GAGISTSAGI PDFRSPSTGL YDNLEKYHLP 120  
 YPEAIFEISY FKKHPEPFFA LAKELYPGQF KPTICHYFMR LLKDKGLLR CYTQNIDTLE 180  
 RIAGLEQEDL VEAHGTFYTS HCVRPSAGTN TR 212

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:**

- (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

SLNTAFSNVL HKNRILATQL LSLSVIIIP

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:73 :

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

QSQNDFTTDS LESLGAEFRK IPTSMKAKRS TKPSSCPRRY ESAHPSMATT STQPLVRKPW 60  
ATSLKTQTKN H 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

- (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

SNLVYVLSLH FPVFSYFLKG RPRSVLSYCH IGSKMSTHSL APNH

44

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

- (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

ATSFMSYLCI FLYSAIFLKE GPGLYYPTAT

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDTASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR 60  
NSGDKKAEER AKIIFAIQDQD VEEKTRALMA LKKRTKDQLF QFLKLRKYSI KVH 113

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:77 :

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

GAAEGRQEAQ GSRKESYSVY VYKVLKQVHP DTGISSKAMG IMNSFVNNDIF ERIAGEASRL 60  
AHYNKRSTIT SREIQTAVRL LLPGEELAKHA VSEGTKAVTK YTSAK 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

- (A) LÄNGE: 221 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

GSGGNHSVCC DTMEGGGGSG NKTTGGLAGF FGAGGAGYSH ADLAGVPLTG MNPLSPYLN 60  
DPRYLVQDTD EFILPTGANK TRGRFELAFF TIGGCCMTGA AFGAMNGLRL GLKETQNMAW 120  
SKPRNVQILN MVTRQGALWA NTLGSLALLY SAFGVIIIEKT RGAEDDLNTV AAGTMTGMLY 180  
KCTGGLRGIA RGGLTGLTGT SLYALYNNWE HMKGSLQQS L 221

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79 :

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

DNRTLTGPD TVSTMGQCRS ANAEDAQEFS DVERAIETLI KNFHQYSVEG GKETLTPSEL 60  
RDLVTQQLPH LMPNSNCLEE KIANLGSCND SKLEFRSFWE LIGEAAKSVK LERPVRGH 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

- (A) LÄNGE: 293 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

ASRGAEQDG ASAARPRRW AGGLLQRAAP CSLLPRLRTW TSSSNRSRED SWLKSLFVRK 60  
VDPRKDAHSN LLAKKETSNL YKLQFHNVKP ECLEAYNKIC QEVLPKIHED KHYPCTLVGT 120  
WNTWYGEQDQ AVHLWRYEGG YPALTEVMNK LRENKEFLEF RKARSDMLLS RKNQLLLEFS 180  
FWNEPVPRSG PNIYELRSYQ LRPGBTMIEWG NYWARAIRFR QDGNEAVGGF FSQIGQLYMV 240  
HHLWAYRDLQ TREDIRNAAW HKHGWEELVY YTVPLIQEME SRIMIPLKTS PLQ 293

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

MAARALCMLG LVLALLSSSS AEEYVGLSAN QCAVPAKDRV DCGYPHVTPK ECNNRGCCFD 60  
SRIPGVWPWF KPLQEAECTF 80

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

MDVFLMIRRH KTTIFTDAKE SSTVFELKRI VEGILKRPPD EQRLYKDDQL LDDGKTLGEC 60  
GFTSQTARPQ APATVGLAFR ADDTFEALCI EPFSSPPELP DVMKPQDSGS SANEQAVQ 118

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84 :

- (A) LÄNGE: 195 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

MGRARDAILD ALENLTAEEEL KKFKLKLLSV PLREGYGRIP RGALLSMDAL DLTDKLVSFY 60  
LETYGAELTA NVLRDMGLQE MAGQLQAATH QGSGAAPAGI QAPPQSAAKP GLHFIDQHRA 120  
ÅLIARVTNVE WLLDALYGKV LTDEQYQAVR AEPTNPSKMR KLFSFTPWN WTCKDLLLQA 180  
LRESQSYLE DLERS 195

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

RMSSTRQCGP SPPTQARCGS SSVSHQPGTG PARTCSSRP

39

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

- (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

WSGAEAPSQQ HSGQPLAIAPP NHPESDLFIH NIRKASL

37

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

GESRFRPGAD FLLVGGCSGV SGGSGRGSWS HGARARRHPG CAGEPDERRGA QEVAEAAVG 60  
AAARGLRAHP AGRAAVHGR GPHRQAGQLL PGDLRRRAHR 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

PGLAAGLATL LLPSPPRAAS LVCAPVAGRR PLCQLELRGL TRHYVAGFGR ATRAGQEPNP 60  
SRP 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89 :

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

GIGCGPRDPP ASLPA<sup>P</sup>RRLS GLCARRRSQA SLSAGVARAD APLCSGFRAG HACGTGTQPO 60  
PTLSSRSSSI TSAEVQLPQF LAQVDNYRHK PLKLECPVAG ISIDLSQLSL QLQ 113

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

HASGQDTASM AASKVKQDMP PPGGYGPIDY KRNLPRRG<sup>L</sup>S GYSMLAIGIG TLIYGHWSIM 60  
KWNRRERRRLQ IEDFEARIAL IPLLQAETDR RTLQMLREN<sup>L</sup> EEEAIIMKDV PDWKVGESVF 120  
HTTRWVPP<sup>L</sup>LI GELYGLRTTE EALHASHGFM WYT 153

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

SLALDQM<sup>Q</sup>A Y KALDTSSLVG EQVTSYLTKK FAE<sup>L</sup>RSPNEF KVYMGHGGKP WVSDFSHPHY 60  
LAGRRAMKTV FGVEPD<sup>L</sup>TRE GGSIPVTLTF QEATGKNVML LPVGSADDGA HSQNEKLNRY 120  
NYIEGTM<sup>L</sup>A AYLYEVSQLK D 141

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

KMYKFVVFY VLIIILRLGL RLIFRKILHA IRSKFYCGS

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93 :

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

SFQALKFIIR SVRLRRGRSY NIPCQICYHL LAFSFHLRIE HNYFYCSYIA CQIKSFTTKG 60  
V 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

- (A) LÄNGE: 284 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

FVRESSSGSR WEVGAGAAVA AFSPQVGTMR PAALRGALLLG CLCLALLCLG GADKRLRDNH	60
EWKKLIMVQH WPETVCEKIQ NDCRDPPDYW TIHGLWPDKS EGCNRSWPFN LEEIKDLLPE	120
MRAYWPDVIH SFPNRSRFWK HEWEKHGTCA AQVDALNSQK KYFGRSLELY RELDLNSVLL	180
KLGKPSINY YQVADFKDAL ARVYGVIPKI QCLPPSQDEE VQTIGQIELC LTKQDQQQLQN	240
CTEPGEQPSP KQEVLWANGA AESRGLRVCE DGPVFYPPP KTKH	284

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

QKRSFLEASA MEFIIIREIG QTSPKWSEFL NPGRELTLLS SLDLIGHWAL VRPQTRPVSP	60
VGF	63

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96 :

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

SFCLVVLHGL GLKIIPKIHQL TNENVSLCAT LPPAQSEFGT QKRTVYTTHL SPSMYSLWA 60  
DAPIHGNPLT HFKT 74

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

FRRYTSSQMK TSASAPPSLL PKVNLVLRKE LFIPLTFLPA CTHCGQMHQY MVILLLILRR 60  
RKLNILL 67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

CHINLTMFLG WSQLFRVPVC VISSAGWLSS ELLEIFTHAS ANHFEQGCLL VDDLLFFMTG 60  
ISGICFLAVF STFLPPW 77

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:99 :

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

TAAAAAAMAPP WVPAMGFTLAP SLGCFVGSRF VHGEGLRWYA GLQKPSWHPP HWVLGPVWGT 60  
LYSAMGYGSY LVWKELGGFTE KAVVPLGLYT GQLALNWAWP PIFFGARQMG WALVDLLLVS 120  
GAAAALPWPG TR 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:100 :

(A) LÄNGE: 130 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

AAGRGGADAG TAAWLTPARQ CPSRSVPSPSPL SSPEQQLQQP WPRPGCPPWA SRWRPAWGAS 60  
WAPALSTARV SAGTPACRSP RGTRPTGCWA LSGARSTQPW GTAPTWGKS WEASQRRLWF 120  
PWASTLGSWP 130

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(A) LÄNGE: 186 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

RPFIRAFACS KMAAVSMSVV LRQTLWRRRA VAVAALSVSR VPTRSLRTST WRLAQDQTQD 60  
TQLITVDEKL DITTLTGVPE EHIKTRKVRI FVPARNNMQS GVNNNTKKWKM EFDTRERWEN 120  
PLMGWASTAD PLSNMVLTFS TKEDAVSFAE KNGWSYDIEE RKVPKPKSKS YGANFSWNKR 180  
TRVSTK 186

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

QLTRLLQPAL GPGTTAVLLL QISTRPEDLG ETVCSLKFAD RVGQVELGPA RRRRVPRSSG 60  
TPSSLSTDTP LTGTPCTPTP SPGSPPCPSP DNGSGSALAP AEGLPL 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

- (A) LÄNGE: 308 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

GSRPFTNPAR	KDGAMFFHWR	RAAEEGKDYP	FARFNKTVQV	PVYSEQEYQL	YLHDDAWTKA	60
ETDHLFDLSR	RFDLRFVVIH	DRYDHQQFKK	RSVEDLKERY	YHICAKLANV	RAVPGTDLKI	120
PVFDAGHERR	RKEQLERLYN	RTPEQVAEEE	YLLQELRKIE	ARKKEREKRS	QDLQKLITAA	180
DTTAEQRRT	RKAPKKLPQ	KKEAEKPAPV	ETAGIKFPDF	KSAGVTLSQ	RMKLPSSVGQ	240
KKIKALEQML	LELGVELSPT	PTEELVHMFN	ELRRTWCCST	SSSRPVPTAS	MSCRCCGTVM	300
						308
RHWPGLVC						

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- (A) LÄNGE: 388 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

IVPFIPCSPE	VQSILKISQP	QEPELMNANP	SPPPSPSQQI	NLGPSSNPHA	KPSDFHFLKV	60
IGKGSGFKVL	LARKAEEVF	YAVKVLQKKA	ILKKKEEKHI	MSERNVLLKN	VKHPFLVGLH	120
FSFQTADKLY	FVLDYINGGE	LFYHLQRERC	FLEPRARFYA	AEIASALGYL	HSLNIVYRDL	180
KPENILLDSQ	GHIVLTDGFL	CKENIEHNST	TSTFCGTPEY	LAPEVLHKQP	YDRTVDWWCL	240
GAVLYEMLYG	LPPFYSRNTA	EMYDNILNKP	LQLKPNITNS	ARHLLEGLLQ	KDRTKRLGAK	300
DDFMEIKSHV	FFSLINWDDL	INKKITPPFN	PNVSGPNDLR	HDFPEFTEEP	VPNSIGKSPD	360
						388
SVLVTASVKE						AAEAFLGF SY APPTDSFL

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

TDSERGDPSE QTRPWRPPCA LTMAMHFIFS DTAVLLFDFW SVHSPAGMAL SVLVLLLLAV 60  
LYEGIKVGKA KLLNQVLVNL PTSISQQTIA ETDGDSAGSD SFPVGRTHHR WYLCHFGQSL 120  
IHVIQVVIGY FIMLAVMSYN TWIFLGVVILG SAVGYYLAYP LLSTA 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- (A) LÄNGE: 478 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

GLPLGITVPV ARETITSLFN KSSVIGPPLR LILKAQVTRG NLCCPVTVTM QLRNPELHLG 60  
CALALRFLAL VSWDIPGARA LDNGLARTPT MGWLHWERFM CNLDCQEEPD SCISEKLFME 120  
MAELMVSEGW KDAGYEYLCI DDCWMAQPQD SEGRHQADPQ RFPHGIRQLA NYVHSKGLKL 180  
GIYADVGNKT CAGFPGSFGY YDIDAQTFAD WGVDLLKFDG CYCDSLENLA DGYKHMSLAL 240  
NRTGRSIVYS CEWPPLYMWPF QKPNEYTEIRQ YCNHWRNFAD IDDSWKSIIKS ILDWTSFNQE 300  
RIVDVAGPGG WNDPDMLVIG NFGLSWNQQV TQMALWAIMA APLFMSNDLR HISPOAKALL 360  
QDKDVIAINQ DPLGKQGYQL RQGDNFEVWE RPLSGLAWAV AMINRQEIGG PRSYTIAVAS 420  
LGKGVACNPA CFITQLLPVK RKLGFYEWTS RLRSHINPTG TVLLQLENTM QMSLKDLL 478

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

ESLLLTLDE KPVSLLLSVT NLYSKNSAQF STILQTLSFP ATFTPSPSIP LSSAYFFFFS 60  
DRVSLCRPGR SAVAQSWGSL QASTSQRASD HHASAPQVGW GLTRRRHTTA GLIFC 115

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

TKLTPGQASP WFPTHTPVSL RSSRLTSPL VCRSLTSRFR STSCLSQTP SPFQERSRNS 60  
NFESRWNDI 69

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109 :

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

MSPAPSSEPG TSNVKELTER TKSSWMGP GT RLGTRCQKAG SLPRPSILLSI PHIPLSVLVI 60  
WHKELLFSLA KKKKKKKK 78

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

FFFFFFFFFFLAK ENRSSLCQIT RTDRGMWGMD RREGGLGRLPA FWHLVPRRVP GPIQELLVRS 60  
VNSLTFDVPG SELGAGDI 78

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:**

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

LSETARISRQ GSHLWSLTNY FILLQMANCA EGQSHSHTLQ RLPNCFWKFT PRSGPLQAAG 60  
TRGPRGCGTG PGTVRHV 77

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:**

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

PITSFCFKWP IVQRDKATAT LFNGYQTVFG NSHQGRAHCR QLAHVARGAV ERVPELSDMF 60  
DFSVSEVLQI RCPNK 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

DCEDLQAGFS PLESQQLLHF ASNGQLCRGT KPQPHSSTVT KLFLEIHTKV GPTAGSWHTW 60  
PEGIWNGSRN CQTCLILAFP LFFKSGAQIS DQHSCFQIGE TIK 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(A) LÄNGE: 134 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

IAAASARRPP RLPLSAPPs RGARGTMADP RVRQIKIKTG VVKRLVKEKV MYEKEAKQQE 60  
 EKIEKMRAED GENYDIKKQA EILQESRMMI PDCQRRLEAA YLDLQRILEN EKDLEEAEEY 120  
 KEARLVLDSDV KLEA 134

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

- (A) LÄNGE: 171 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

SGAVGAERMG APTPLLTGSR VLRAAVWVRG QSGRRWAART ACOPGAPESC AAGPRGAPRP 60  
 PQPGAFREPR GAHDGGGDGY RAQGGRAGEA QGGAAAEEA ERCVLTERGL QLFEAKGTGG 120  
 RPKELSFARI KAVECVESTG RHIYFTLVTE GAARSTSAAP WKIPAGTPRS P 171

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116 :

- (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

AWSSSRTSRP SRQCGPGRAS GPGPSCPCKPP GAPSFLHATH HLSAEVKAAS LFPLACGGTA 60  
 VLHVARWKAW TCAGGAGAEG MDEPWEERRR LRRAEDEDAA PGWSQTLRTC PAQGLRATGL 120  
 ASYGMRGSWH RSPLPAVVLPL SVLQTALSPL ALCQAWRRAV PHGVPSQRLR NQEASLVPKG 180  
 VPRAWYPGPL QNGLWTHLEK GELLGLKPTP GGLLLRSPFW DPHPSRPFLC TLLPPPRLIF 240  
 PPLRCSA 247

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

- (A) LÄNGE: 521 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```

SKLNSYYGNV PVIEVKNH PVEVVLSEAQ KDSFESILRL IFEIHHSGEK GDIVVFLACE 60
QDIEKVCTV YQGSNLNPD LGELVVPLYP KEKCSLFKPL DETEKRCQVY QRRVVLTSS 120
GEFLIWSNSV RFVIDVGVE RRKVYNPRIRA NSLVMQPISQ SQAEIFRKQIL GSSSSGKFFC 180
LYTEEFASKD MTPLKPAEM QEANLTSMVLF MKRIDIAGLG HCDFMNRPAP ESLMQALEDL 240
DYLAALDNDG NLSEFGIIM SEFPLDPQLSK SILASCEFDC VDEVLTIAAM VTAPNCFSHV 300
PHGAEAAALT CWKTLHPE GDHFTLISIYK AXQDTLNSS SEYCVEKWCR DYFLNCSALR 360
MADVIRAEELL EIIKRIELP YAEPAFGSKEN TLNIKKALLS GYFMQIARDV DGSGNYLMLT 420
HKQVAQLHPL SGYSITKKM PEWVLFHKSFI SENNYIRITS EISPELFMQL VPQYYFSNLP 480
PSESKDILQQ VVDHLSPVS TMNKEQQMCET CPETEQRCTL Q 521

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:119 :

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

```

MILQRLFRFS SVIRSAVS VH LRRNIGVTAV AFNKELDPIQ KLFVDKIREY KSKRQTSGGP 60
VDASSEYQQE LERELFKLKQ MFGNADMNTF PTFKFEDPKF EVIEKPQA 108

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

RGFYLPKLKK QNWYLTALPR DHLWALVESR HSKHSTGKRR ICILDSEMRYN SEDTMAESSR	60
GVGGSSY	67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:121 :

- (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

AACLALRIAAMASQSQGIQ QLLQAEKRAAEKVSEARKRKNRRLKQAKEEAQAEIEQYRL	60
QREKEFKAKEAAALGSRGSCSTEVEKETQEKMILQTYFRQRDDEVLDNL	120
IHENYRING	129

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

- (A) LÄNGE: 175 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

SNMAAPSGGW NGVGASLWAA LLLGAVALRP AEAVENTTV AFDVRPGGVV HSFSHNVGPG 60  
DKYTCMFTYA SQGGTNEQWQ MSLGTSEDHQ HFTCTIWNPQ GKSYLYFTQF KAEVRGAEIE 120  
YAMAYSKAAT ERESDVPLKT EEEFEVTKTAV AHRPGAFKAE LSKLVIVAKA SRTEL 175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

APPGLFPVAS PELKRCGMAR ACLQAVKYLM FAFNLLFWLG GCGVLGVGIW LAATQGSFAT 60  
LSSSFPNSA ANLLIITGAF VMAIGFVGCL GAIKENKCLL LTFFRCCWLE ATIAILFFAY 120  
TDKIDRYAQO DL 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(A) LÄNGE: 357 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

VRVKMAAAEA ANCIMEVSCG QAESSEKPNA EDMTSKDYYF DSYAHFGIHE EMLKDEVRTL 60  
 TYRNSMFHNR HLFKDKVVLD VGSGTGILCM FAKAGARKV IGIECSSISD YAVKIVKANK 120  
 LDHVVTIIKG KVEEVELPVE KVDIIISEWM GYCLFYESML NTVLYARDKW LAPDGLIFPD 180  
 RATLYVTAIE DRQYKDYKIH WENVYGFDM SCIKDVAIKE PLVDVVDPKQ LVTNACLIKE 240  
 VDIYTVKVED LTFTSPFCLQ VRKNDYVHAL VAYFNIEFTR CHKRTGFSTS PESPYTHWKQ 300  
 TVFYMEDYLT VKTGEEIFGT IGMRPNAKNN RDLDFTIDLD FKQQLCELSC STDYRMR 357

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

- (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

NQDTPPRTLL PSLSPNQRLG FSSPSGCSPPT FPSRLHS PDW TTVAVRLDLK TGPRLG MNGC 60  
 SPILLFPPTS LMREVVAFPS QGASMGKVSK ASGGAEYQRR GMATISPSP NLSPFFESEW 120  
 CRVGRDPDL 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

RQCLLWGHNW CMPAPKGPFV RGHFSQLIPS QMTAPSLEGA Q

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

- (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

QGQDKPSGLW PPGPWFPCTP TWSPHGWLAG CPCVCVTHGV SAGLCPGWEG VYVALTVLAQ 60  
SWWIILSMDND TLRLIVLVCFS YLWGIFPLRL LGLLLPGQVTL RLRLMRGPLP VSPILSSREV 120  
LTPDS 125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

DKGEELGASCL PLTGPLHTKE DPRSWQGEPV PLKTCLHFQF GREKRGGYPF SELAPGLGSS 60

HFSRPFLRVW GEHPRTQYG GNRQGSPHQ P QQQDTLRQQQ TQEPEGENTP QIGKTNQDNP 120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

;

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

PHSRHCLYMH PHSHLLTEGG NTQLHMLTHS HLLTEGGNTR SSALMRFQTL LPLCKPHPSP 60  
PPDKEIYKSG SLPTLPHSLS KKGLRLGDGE IVTAIPLRWY SAPPEAFETF PIEAP 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

;

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

DRLYWKFDPV KVKALEGFPR LVGPDFFGCA SLPTLSSDHG LDALRGADPC QATNIRLETH 60  
GHLCGCQHQA WD 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

PLPGHEYQAR DPWPSLWLWA PGMGLSPCLL RGMGWGTTTM TTAGRATQVV VTCQRLSQTG 60  
QGGFGMT 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

(A) LÄNGE: 180 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

GGACGRTAEE AARETTRRSR KMRTRREFPV ISVVGYTNCG KTTLIKALTG DAAIQPRDQL 60  
FATLDVTAAH GTLPSRMTVL YVDTIGFLSQ LPHGLIESFS ATLEDVAHSD LILHVRDVSH 120  
PEAESRNAAF CPRCVACSCP PRSWTPWWRF TTRWTSCPGT APRNRTSCPC LPCGATGSRS 180

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

PWALQLHRLL GWSPNHSLFV KAEITAQAT MKLSVCLLLV TLALCCYQAN AEFCPALVSE 60  
LLDFFFISEP LFKLSLAKFD APPEAVAALK GVKRCTDQMS LQKRSLLIAEV LVKILKKCSV 120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:138 :

- (A) LÄNGE: 226 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

LGNHNKGAI SMLFIRRTVC GVVTLFFLK FFLFLNLIMI LGHDSVFSMT VASTRTRSFP 60  
RSGLPSSVKL SAPTSRTFSS RILSPHARSS SFPIKIRSSE VTFHWRLAKC TTAKSLPYCP 120  
VTIISFTFFT TSAWCLVSST GSGRTTSGQG GELRDVLGTY PGRYEVLCYL NLREADQREA 180  
APGPEGLRML WLHADASRPK VTVREDAAMA AAIFPQPRPE TETTRT 226

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:139:

- (A) LÄNGE: 222 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

VRVVSVSGRG CGKMAAAMAA SSLTVTLGRL ASACSHSILR PSGPGAASLW SASRRFNSQS 60  
 TSYLPGYVPK TSLSSPPWPE VVLPDPVEET RHAEVVKKV NEMIVTGQYG RLFAVVHFAS 120  
 RQWKVTSEDL ILIGNELDIA CGERIRLEKV LLVGADNFTL LGKPLLGKDL VRVEATVIEK 180  
 TESWPRIIMR FRKRKNFKKK RIVTTPQTVL RINSIEIAPC LL 222

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:140:

- (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

MMVAGAGADF VMLGGMLAGH SESGGELIER DGKKYKLFYG MSSEMAMKKY AGGVAEYRYV 60  
 WRPRSLIVW RQNSWLLRGG WYSSQRSMVN RGSMILGSVEK SLGLRNPEGE DNKFVPTLRA 120  
 SEGKTVEVPF KGDVEHTIRD ILGGIRSTCT YVGAAKLKEL SRRTFIRVT QQVNPIFSEA 180  
 C 181

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:141:

- (A) LÄNGE: 168 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

STWRQEIQIGC FIMDGDDGN LIKKRKFVSE AELDERKRR QEEWEKVRKP EDPEECPEEV 60  
 YDPRSLYERL QEOKDRKQQE YEEQFKFKNM VRGLDEDETN FLDEVSRQQE LIEKQRREEE 120  
 LKELKEYRNN LKKVGISQEN KKEVEKKLTV KPIETKNKFS QAKCWQEL 168

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:142:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

TRKERSKEQR SRGEVEEKHH KEDKDDRRHR DDKRDSKKEK KHSRSRSRER KHRSSRSRN 60  
AGKRSRSRSK EKSSHKKNES KEKSNKRSRS GSQGRTDSVE KSKKREHSPS KEKSRKRSRS 120  
KERSHKRDHS DSKDQSDKHD RRRSQSIEQE SQEKQHKNKD ETV 153

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:143:

- (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

KRRNIKKTKM IGGTEMTKEI PRKRKNTVEA EAEGNTEVG VEVEMQGNEV EVEAKRNQVN 60  
IKMKVKKNQI NEVEVAVKEE LTVLKNQKNG NIVPAKKNLE SVVEAKNVPT NEITVIVRTS 120  
QTNMIVEGAK V 131

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:144:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

IFLCW DYVPV FLIFQHCQFF LDCHFDFVYL IFLYFH FYVY LISLCFYFYF VSLHF YFDSY 60  
FCVSFLCFCF YCVF SLSWNL FCHLCAAYHL CLLYVSSLLP LPYFSVPWTF LFSFISSFLI 120  
IVTISSSTSL IFFLSFSIPC PFYPP 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 176 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

RLHRRTGASR SSHSSDSGGS DVLDPTDGK LFPSDGFRDC KKGD PKHGKR KRG RPRKLSK 60  
EWDCLEGKK SKHAPRGTHL WEFIRDILIH PELNEG LMKW ENRHEGVFKF LRSEAVAQLW 120  
GQKKKN SNMT YEKL SRAMRY YYKREILERV DGRR LVYKFG KNSSGWKEEE VLQSRN 176

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

MTCKMSQLER NIETIINTFH QYSVKLGHPD TLNQGEFKEL VRKDLQNFLK KENKNEKVIE 60  
 HIMEDLDTNA DKQLSFEIFI MLMARLTWAS HEKMHEGDEG PGHHHKPGLG EGTP 114

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

- (A) LÄNGE: 333 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYPE: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

ATLEHPALVP LQPAEMVELM FPILLLLLPF LLYMAAPQIR KMLSSGVCTS TVQLPGKVVV 60  
 VTAGNTGIGK ETAKELAQRG ARVYLACRDV EKGELVAKEI QTTTGNNQQVVL VRKLDLSDTK 120  
 SIRAFAKGFL AEEKHLHVLN NNAGVMMCPL SKTADGFEMH IGVNHLGHFL LTHLLLEKLK 180  
 ESAPSRRIVNV SSLAHHLGRI HFHNLLQGEKF YNAGLAYCHS KLANILFTQE LARRLKGSVG 240  
 TTYSVHPGTQ QSELVRHSSF MRWMWWLFSF FIKTPQQGAQ TSLHCALTEG LEILSGNHFS 300  
 DCHVAWVSAQ ARNETIARRL WDVSCLLGL PID 333

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1624 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149 :

TGAGCGGGGG ATGATGGCG CGCGGGAGGT CAGGTCTTT CTGCGCGGGC TCCCCGGCGT 60  
 GCTACNTGCT GCTGCTCTTC CTCGGGCCCT GGCCCGCNTG CGAGGCCACGG CGGCAAGTAC 120  
 TCGCGGGAGA AGAACCCAGCC CAAGCCGTCC CCGAAACGCN GAGTNCCGGA GAGGAGTTCC 180  
 GCATGGAGAA GTTGAACCAG CTGTGGGAGA AGGCCAGCG ACTGCANTCT TCCTCCCGTG 240  
 AGGCTGGCCG ANGCTCCACG CTGATCTGAA GATACAGGNA GAGGGACGAA CTCGCCTNGG 300  
 AAGAAACTAA ANGCTTGACG GCTTGGACGA AGATGGGGAG AAGGAAGCGA GACTCATACG 360  
 CAACCTCAAT GTCATCTTGG CCAAGTATGG TCTGGACGGA AAGAAGGACG CTCGGCAGGT 420  
 NGACCAGCAA CTCCCTCAGT GGCAACCCAGG NAAGACGGGC TNNGGATGAC CCCAGGCTGG 480  
 AAAAGCTGTN GGCAACAAGGC GAAGACNCTC TGAAAATTTC TCCGGCGAAG AACNTGGACA 540  
 AGCTCTGGCG GGAGTTCTG CATCACAAAG AGAAAGTTCA CGAGTACAAC GTCCTGCNTG 600  
 GAGACCCNTG AGCAGGACCG AAGAAATNCC ACGAGAACGT NCANTTAGCC CCTCGGNACC 660  
 TGNAGCGACA TNCAAGGGNC AGCGTCCTGC ACAGCAGNGC ACNACGGAGC NNTGAANGGA 720  
 GAAGCTGCGC AGNATCCAAC CANGGGCTG GACCGCCTGC GCAGGGTCAG CCACCAAGGGC 780  
 TACAGCACTG AGGCTGAGTT CGAGGAGCCC AGGGTGATTG ACCTGTGGGA CCTNGGCACA 840  
 GTCCGCCAAC CTCACGGACA AGGAGCTGGA GGCCTTCCGG GAGGAGCNIC NAAGCACNTT 900  
 CGAAGCCAAA ATCGNAGAAG CACANACCCAC TACCAGAANG CANGCTGGAG ATTGGCAGC 960  
 AGAAGCTGAG GCACCGCAGAG AGCGTGGGNC GANCGCGNA GCGTGTNGAG CCGCNAGCC1020  
 GCGANNGAAG CNACGCCCTG CTGGAGGGGC NGGACCCNAAG GNAGCTGGGC TACACGGTGA1080  
 ANGAAGCATIC TGCAAGGANCC TGTCGGCAG GANTCTCCAN NGAGCTCGGC ANCAACGAAN1140  
 CTCTGAANG CNATTGGGGA GNCCCNAGCC CGGCANGGGA ANGAGGNNNC CNAGCGTGN1200  
 ANGGACCNNTG NGGCTTCTGG CCNGTGGCAT TTNCCGTGGA CAGCCCNNGCC GTCAGGGTGG1260  
 CTGGGGCTGG CACNGGGTGT CGAGGCAGGA AGGATNTGTT TCTGGTGACN TGCAAGCCGCT1320  
 GCCGTCGGCA CACANGGGCT TGGTGGTGGT AGCNATTGG GTCTGAGATC GGCCCAGCNT1380  
 CTGACTGAAG GGGCTTGGNC TTCCACTCAG CATCAGCGTG GCAGTCACCA CCCCAGTN1440  
 GGACCTCGAT GTCCAGCTGC TGTCAAGGTCT GATAGTCCTC TGCTNAAAAC AANCACGATT1500  
 TACATAAAAA AATCTTACAC ATCTGCCACC GGAAATACCA TGACAGAGT CCTTAAAAAA1560  
 TANGAGTGCA GTATTNNNA AACCAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1620  
 AAAAA 1624

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1756 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 150 :

AAGCAACCTC GTTTATGTCT TATCTTTGCA TTTTCCTGTA TTCAAGCTATT TTCTTAAAGG 60  
 AAGGCCAGG TCTGTATTAT CCTACTGCCA CATAGGAAGT AAAATGAGTA CTCACAGCCT 120  
 TGCGCCTAAT CACTGAACAC AGCTTTAGT AATGTTTAC ACAAGAACAG GATATTGGCA 180  
 ACTCAACTGT TAAGCCTTC TGTGATTATT CTTCCCTTGAG ATCACTCTGA TGTCAACCAGT 240  
 GTAATTGAG CCTGGAGCTT TTGTTCACAC TTTAAATAGC AGTCCCAGAA TGATTTCACT 300  
 ACAGACTCTC TGGAAAGCCT GGGAGCTGAA TTCCCGGAAGA TCCCCACATC GATGAAAGCA 360  
 AAGCGAAGCA CCAAGCCATC ATCATGTCCA CGTCGCTACG AGTCAGCCC TCCATCCATG 420  
 GCTACCACCT CGACACAGCC TCTCGTAAGA AAGCCGTGGG CAACATCTT GAAAACACAG 480  
 ACCAAGAATC ACTAGAAAGG CTCTTCAGAA ACTCTGGAGA CAAGAAAGCA GAGGAGAGAG 540  
 CCAAGATCAT TTTTGCCATA GATCAAGATG TGGAGGAGAA AACGCGTGCC CTGATGGCCT 600  
 TGAAGAAGAG GACAAAAGAC AAGCTTTCC AGTTTCTGAA ACTGCGGAAA TATTCCATCA 660  
 AAGTTCACTG AAGAGAAGAG GATGGATAAG GACGTTATCC AAGAATGGAC ATTCAAAGAC 720  
 CAAGTGAGTT TGTGAGATTG TAACAGATGC AGCATTTCGC TGCTACCTA CAAGCTTCTC 780  
 TTCTGTCAAG ACTCCAGAGG CTGGAAAGGG ACCGGGACTG GAAAGGGACC AGGACTGAAC 840  
 AGACTGGTTA CAAAGACTCC AAACAATTTC ATGCCCTGTG CTGTTACAGA GGAGAACAAA 900  
 ATGCTTCAG CAAGGATTG AAAACTCTTC CGTCCCTGCA GGAAAGGATT GATGCTGATA 960  
 GAAGAGCCTG GACAGATGTA ATGAGAACTA AAGAAAACAG ATGGCTGGAG ATGACATTTA1020  
 TCCAGGGTCA CTTTGTCAAG CCCTAGGACT TAAATCGAAG TTGAACCTTT TTTTTTTTT1080  
 AACCAAATAG ATAGGGGAGG GGAGGAGGG GAGGGAGGAC AGGGAGAGAA AATACCATGC1140  
 ATAAATTGTT TACTGAATT TTATATCTGA GTGTTAAAA TATTTCAG CCTGAGTATT1200  
 GTCTATTGGT ATAGATTTT AGAAATCAAT AATTGATTAT TTATTTGCAC TTATTACAAT1260  
 GCCTGAAAAA GTGCACCACA TGGATGTAA GTAGAAATTC AAGAAAGTAA GATGCTTCA1320  
 GCAACTCAGT AAAACCTTAC GCCACCTTT GGTTGTAAA AGGTTTTTA TACATTCAA1380  
 ACAGGTTGCA CAAAAGTTAA ATAATGGGG TCTTTATAA ATCCAAGTA CTGTGAAAAC1440  
 ATTTTACATA TTTTTAAAT CTTCTGACTA ATGCTAAAAC GTAATCTAAT TAAATTCAAT1500  
 ACAGTTACTG CAGTAAGCAT TAGGAAGTGA ATATGATATA CAAAATAGTT TATAAAGACT1560  
 CTATAGTTTC TATAATTAT TTTACTGGCA AATGTCATGC AACAAATAATA AATTATTGTA1620  
 AACTTGTGA AAAATAGTCT GTGATGCTTG GTCTCAAAGG AAAAAATAAG ATGGTAAATG1680  
 TTGATATTTA CAAACTTTTC TAAAGATGTG TCTCTAACAA TAAAAGTTAA TTTAGAGTA1740  
 AAAAAAACGG CTCGAG 1756

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1638 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151 :

```

CTCAGTATTA AGCAACAGAA AATGAGACTC ATCGTAGACT CAGCATAGAC CCATCACAGA 60
CCTGTCAGAG GCCGATTGTA AGCTCGCTGT AGACCCATGA TAGCAGACCC GTAGTCACTA 120
GCACTGGATC AAATGCAAGC TTATAAAGCA TTGGACACCT CAAGTCTAGT CGGCGAGCAG 180
GTCACAAGCT ACCTAACTAA GAAGTTTGCT GAACTACGC GCCCCAATGA GTTCAAGGTG 240
TACATGGGCC ACGGTGGAA GCCCTGGGT TCCGACTTC GTCACCCCTCA TTACCTGGCT 300
GGGAGAAAGAG CCATGAAGAC AGTTTTGGT GTTGAGCCAG ACTTGACCAAG GGAAGGCGGC 360
AGTATTCCCG TGACCTTGAC CTTTCAGGAG GCCACGGGCA AGAACGTCAT GCTGCTGCCT 420
GTGGGGTCAG CGGATGACGG AGCCCACCTCC CAGAAATGAAA AGCTCAACAG GTATAACTAC 480
ATAGAGGGAA CCAAGATGCT GGCGCGTAC CTGATGAGG TCTCCCAGCT GAAGGACTAG 540
GCCAAGCCCT CTGTGTGCCA TCTCCAATGA GAAAGGAATCC TCCCCCTCACC TCACCCCTTT 600
CCAACCTGCC CAGGGAAAGTG GAGGTTCCCT CTTTCTTTC CCTCTTGTC GGTCACTCCAT 660
GACTTTAGAG AACAGACACA AGTGTATCCA GCTGTCCACG GGTGGAGCTA CCCGTTGGGC 720
TTATGAGTGA CCTGGAGTGA CAGCTGAGTC ACCCTGGGT AAGTTCAGA GTGGTCAGGA 780
TGGCTTGACC TGCGAGAGAT ACCCAAGGTC CAAAAGCACA AGGTCTGGG AAAGTTCTGG 840
TTGTCGGCTG GGCACCCACGG CTCACACCTA TAATCGAGCA CTTTGGGAGG CCAAGACAGG 900
AGGATCACTT GAGGCCAGGA GTCTGAGACA AGCCTAGGCA AAAAAACAAG ACTCTGTCTC 960
TACAAAAAAGT TTAAGAAATG AGCCAGACAT GGTGGTGTAT GCCTGTAGTC CCAGCCACTC1020
AGAAGGCTGA GGCAGGAGGA TCGCTTGAGA CCAAGAGTTT GAGCCTGCCG TGAGCTGTGA1080
ATGCACCAACG GCACTCAAGC CTGGGCAATG TAGCAAGATC CTGTCCTAC AAGAAATTT1140
TTAAAAATGA GCCAAGTGTG GTGGTGCATG CCTGTAGTT CAGCTACTCA GGACACTGAC1200
GTAGGAGGGT TGCTTGAGAC TGAGAGTTGG AGGCTGCGAT GAGCCATGAA TGCCCCACTG1260
CACTCCAGCC TGGCGACAG AACGAGACCC CATCTAAAA AAAATAAGTT CTGGTTGTCA1320
TTGAATTGGG ATAAACAGAG AGCTTGATGC TTTCTGCCTT CTGTCCTCAGG TGATGCATTG1380
CACATTGGG ATATTTGGAA AGGAAATGAG GAAAGAAATT AGGGCCTCCT CTGATCTCTC1440
GCTATCTGCG GGTCTGTCC TTTTCTCAAG ACCTTCACCA TTACTGGTGT TTTCTGTCT1500
TCTCTTAGT ATGATCCCTC AAAACCTCAC TAACTGGAAAG GATGATTTG TCTCAGTTG1560
TACTCCTAAA TAAAAAGTAA ACATGACACC TCTAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1620
AAAAAAAAAA AAAAAAAA

```

1638

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2589 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152 :

```

CAACCAGGGA GATTTCTCCA TTTTCTCTT GTCTACAGTG CGGCTACAAA TCTGGGATT 60
TTTTTATTACT TCTTTTTTT TCAGAACTACA CTTGGGCTCC TTTTTTTGTG CTCGACTTT 120
CCACCCCTTT TCCCTCCCTC CTGTGCTGCT GCTTTTGAT CTCTTCGACT AAAATTTTT 180
TATCCGGAGT GTATTTAATC GGTTCTGTTC TGTCCTCTCC ACCACCCCCA CCCCCCTCCC 240
TCCGGTGTGT GTGCCGCTGC CGCTGTGTC GCGCCCGCTG CTGCTGCTGC TCGCCCCGTC 300
GTTACACCAA CCCGAGGCTC TTTGTTCCC CTCTTGGATC TGTTGAGTTT CTTGTTGAA 360
GAAGCCAGCA TGGGTGCCA GTTCTCCAAG ACCGCAGCGA AGGGAGAAGC CGCCGCGGAG 420
AGGCCTGGGG AGGCAGGCTGT GGCTCGTGC CCTTCCAAAG CGAACGGACA GGAGAATGGC 480
CACGTGAAGG TAAACGGCGA CGCTTCGCCCG GCGGCCGCG AGTCGGGCGC AAAGGAGGAG 540
CTGCAGGCCA ACGGCAGCGC CCCGGCCGCC GACAAGGAGG AGCCCGCCGC CGCCGGGAGC 600
GGGGCGCGT CGCCCTCCCTC GGCGAGAAA GGTGAGCCGG CGCGCCGCCG TGCCCCCGAG 660
GCCGGGGCCA GCCCGGTAGA GAAGGAGGCC CCCGCGGAAG GCGAGGCTGC CGAGCCCGGC 720
TCGGCCACGG CCGCGGAGGG AGAGGCCGCG TCGGCCGCCCT CCTCGACTTC TTGGCCCAAG 780
GCCGAGGACG GGGCACGCC CTCGCCAGC AACAGAGACCC CGAAAAAAA AAAGAACGCG 840
TTTCCTTCA AGAAGTCTT CAAGCTGAGC GGCTTCTCTC TCAAGAAGAA CAAGAAGGAG 900
GCTGGAGAAG GCGGTGAGGC TGAGGCCGCC GCTGCCGAAG GCGGCAAGGA CGAGGCCGCC 960
GGGGGCGCAG CTGCGGCCGC CGCCGAGGCG GGCAGGGCCT CGGGGGAGCA GGCAGCGCG 1020
CCGGGGCGAGG AGGCAGGAGC GGGCGAGGAG GGGCGGGCGG GTGGGCACCC GCAGGAGGCC 1080
AAGCCCCAGG AGGCCGCTGT CGCGCCAGAG AACCCGCCCG CCAGCGACGA GACCAAGGCC 1140
GCCGAGGAGC CCAGCAAGGT GGAGGAGAAA AAGGCCGAGG AGGCCGGGGC CAGCGCCGCC 1200
GCCCTGCAGG CCCCCCTCCGC CGCCGGGCCCG GGCAGCGCCCC CGGAGCAGGA GGCAGCCCC 1260
GCCGAGGAGC CCGCGGCCGC CGCAGCCTCG TCAGCCTGCG CAGCCCCCTC ACAGGAGGCC 1320
CAGCCCCAGT GCAGTCCAGA AGCCCCCCCCA GCGGAGGCCGG CAGAGTAAA GACCAAGCTT 1380
TTGTGAGATA ATCGAAGAAC TTTCTCCCC CGTTTGTGGT TTGGAGTGGT GCCAGGTACT 1440
GTTTGGAGA ACTTGTCTAC AACCAAGGGAT TGATTTAAA GATGTCTTT TTATTTTAC 1500
TTTTTTTAA GCACCAAATT TTGTTGTTT TTTTTTCTC CCCTCCCCAC AGATCCCAC 1560
TCAAATCATT CTGTTAACCA CCATTCCAAC AGGTGAGGA GAGCTAAAC ACCTCTTCC 1620
TCTGCCTTGT TTCTCTTTA TTTTTTATTT TTTCGATCA GTATTAATGT TTTGCATAC 1680
TTTGCATCTT TATTCAAAAG TGAAACTTT CTTGTCAAT CTATGGACAT GCCCCATATAT 1740
GAAGGAGATG GGTGGGTCAA AAAGGGATAT CAAATGAAGT GATAGGGTC ACAATGGGG 1800
AATTGAAGTG GTGCATAACA TTGCCAAAAT AGTGTGCCAC TAGAAATGGT GTAAAGGCTG 1860
TCTTTTTTT TTTTTTAAA GAAAAGTTAT TACCATGTAT TTGTGAGGC AGGTTTACAA 1920
CACTACAAGT CTTGAGTTAA GAAGGAAAGA GGAAAAAAGA AAAACACCCA ATACCCAGAT 1980
TTAAAAAAA AAAAACGATC ATAGTCTTAG GAGTCATTT AAACCATAGG AACTTTCAC 2040
TTATCTCATG TTAGCTGTAC CAGTCAGTGA TTAAGTAGAA CTACAAGTTG TATAGGCTT 2100
ATTGTTTATT GCTGGTTTAT GACCTTAATA AAGTGTAAATT ATGTATTAC AGCAGGGTGT 2160
TTTAACTGT GACTATTGTA TAAAAACAAA TCTTGATATC CAGAACACACA TGAAGTTGC 2220
AACTTCCAC CCTGCCCAT TTTGTAAAAC TGCACTAC TTGGACCTTT TAAAACACAA 2280
ATTTAAACT CAACCAAGCT GTGATAAGTG GAATGGTTAC TGTTTATACT GTGGTATGTT 2340
TTTGATTACA GCAGATAATG CTTCTTTTC CAGTCGTCT TGAGAATAAA GGAAAAAAA 2400
TCTTCAGATG CAATGGTTT GTGTAGCATC TTGTCTATCA TGTTTGTAA ATACTGGAGA 2460
AGCTTGACC AATTGACTT AGAGATGGAA TGTAACTTG CTTACAAAAA TTGCTATTAA 2520

```

ACTCCTGCTT AAGGTGTTCT AATTTCTGT GAGCACACTA AAAGCGAAAA ATAAATGTGA2580  
ATAAAATGT 2589

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2963 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153 :

CTGCAACACC ACCTTCGGTG ACGGGCCTGA CATGCTGCGC ACAGACTTGG GCGAGTCCAC 60  
CGCCTCGCTG GACAGCATCG TCAGGGATGA AGGGATCCAG AAGCTCGGCG TGTCCCTCTGG 120  
GCTGGTGAGG GGCAGCCACG GAGAGCCAGA CGCGTCCCTC ATGCCAGGA GCTGCAAGGA 180  
TCCCCCTGGC CACGATTCCG ACTCAGATA TAGCGCTGTCC CTGGATGAGC AGAGCAGCTC 240  
TTACGCCTCC TCACACTCGT CAGACAGCGA GGACGATGGG GTGGGAGCTG AGGAAAAATG 300  
GGACCCGGCC AGGGCGCCG TCCACAGCAC CCCCAAAGGG GACGCTGTGG CCAACCACGT 360  
TCCGGCCGGC TGGCCCGACC CAGAGCCCTGG CTGAGAGTGA CAGTGAGGAC CCCAGCGGCA 420  
AGCCCCGCTC GAAGGTGGAG ACCAAGGTCA GCGTGGAGCT GCACCGCGAG GAGCAGGGCA 480  
GTCACCGTGG AGAGTACCCC CCGGAACCAAG GAGAGCGGGG GCGCACAGGG CTTGCTAGCA 540  
GCCAGCCCCC AGAGCAGAGG AAAGGCATCT TGAAAAATAA AGTCACCTAC CCGCCGCCGC 600  
TGACGCTGAC GGAGCAGACG CTGAAGGGCC GGCTCCGGGA GAAGCTGGCC GACTGTGAGC 660  
AGAGCCCCAC ATCCCTCGCGC ACGTCTTCCC TGGGCTCTGG CGGCCCCGAC TGCGCCATCA 720  
CAGTCAGAG CCCTGGGAGG GAGCCGGGGC GTGACCCACCT CAACGGGGTG GCCATGAATG 780  
TGCACACTGG GAGCGCCCAAG GCGGATGGCT CCGACTCTGA AGGCAGTAAT GAAACTTCAA 840  
TTTGAACCAT CAGTAATGAA ACTTCATTT GAACCATCAG GAAACCGTGA GGCAAGCCCG 900  
TCACCCCAACA CAGGCTGCGG CATCACCCCTC AGACCTTGGA GCCCAAGGGG CCAC TGCCCT 960  
TGAAGTGGAG TGGGCCAGA GTGTGGCGGT CCCCCATGGTG GCAGCCCCCCC GACTGATCAT1020  
CCAGACACAA AGGTCTTGGT TCTCCCAGGA GCTCAGGGCC TGTCAAGACCT GGTGACAAGT1080  
GCCAAAGGCC ACAGGCATGA GGGAGGGCTG GACCACTGGG CCAGCACCCGC TGAGTCCTAA1140  
GACTGCAGTC AAAGCCAGAA CTGAGAGGGG ACCCCAGACT GGGCCCAGAG GCTGCCAGA1200  
GTTCAAGAAC GCGGGGCACA GACCAAAGAC CGCGGTCCAG CCCCCGCCAG CGGGCAGTCT1260  
CATGGCAGTG CGGACCCGTG GCTGGCAGCC CGGGCAGTCC TTTGCAAAGG CACCCCTTGT1320  
CTTAAATCA CTTCGCTATG TGGGAAAGGT GGAGATACTT TTATATATT GTATGGGACT1380  
CTGAGGAGGT GCAACCTGTA TATATATTGC ATTCTGTGACTTTGTAT CCCGAGAGAT1440  
CCATGCAATG ATCTCTTGCT GTCTTCTCTG TCAAGATTGC ACAGTTGTAC TTGAATCTGG1500

CATGTGTTGA CGAAACTGGT GCCCCAGCAG ATCAAAGGTG GGAAATACGT CAGCAGTGGG1560  
 GCTAAAACCA AGCGGCTAGA AGCCCCTACAG CTGCCTTCGG CCAGGAAGTG AGGATGGTGT1620  
 GGGCCCTCCC CGCGGGCCCC CTGGGTCCCC AGTGTGCGT GTGTGTGCGT TTGTCCTCTG1680  
 CTGCCATCTG CCCCGGCTGT GTGAATTCAA GACAGGGCAG TGCAGCACTA GGCAGGTGTG1740  
 AGGAGCCCTG CTGAGGTACAC TGTGGGGCAC GGTTGCCACA CGGCTGTCAT TTTTCACCTG1800  
 GTCATTCTGT GACCACCACC CCCTCCCCCTC ACCGCCTCCC AGGTGGCCCG GGAGCTGCAG1860  
 GTGGGGATGG CTTTGTCCCT TGCTCCTGCT CCCCCTGGGA CCTGGGACCT TAAAGCGTTG1920  
 CAGGTTCCCG ATTGGACAG AGGTGTGGGG CCTTCAGGG CGTTACATAC CTCCCTGCCA1980  
 TTCTCTAACT CTCTGAGACT GCGAGGATCT CCAGGGCAGGG TTCTCCCCTC TGGAGTCTGA2040  
 CCAATTACTT CATTGGCTT CAAATGGCCA ATTGTGCAGA GGGACAAAGC CACAGCCACA2100  
 CTCTTCAACG GTTACCAAAC TGTTTTGGA AATTACACACC AAGGTCGGGC CCACTGCAGG2160  
 CAGCTGGCAC ACGTGGCCCG AGGGGCTGTG GAACGGGTCC CGGAACGTG AGACATGTT2220  
 GATTTTAGCG TTTCTTTGT TCTTCAAATC AGGTGCCAA ATAAGTGATC AGCACAGCTG2280  
 CTTCCAAATA GGAGAAACCA TAAAATAGGA TGAAAATCAA GTAAAATGCA AAGATGTCCA2340  
 CACTGTTTA AACTGACCC TGATGAAAAT GTGAGCACTG TTAGCAGATG CCTATGGGAG2400  
 AGGAAAAGCG TATCTGAAAA TGGTCCAGGA CAGGAGGATG AAATGAGATC CCAGAGTCCT2460  
 CACACCTGAA TGAATTATAC ATGTGCCTTA CCAGGTGAGT GGTCTTCGA AGATAAAAAA2520  
 CTCTAGTCCC TTTAACGTT TGCCCTGGC GTTCTCTAAG TAGAAAAGG TTTTTAAGTC2580  
 TTCGAACAGT CTCCTTCAT GACTTTAACAA GGATTCTGCC CCCTGAGGTG TAATTTTTT2640  
 GTTCTATTT TTTCCACGTA CTCCACAGCC AACATCACGA GGTGTAATT TTAATTGAT2700  
 CAGAACTGTT ACCAAAAAAC AACTGTCAGT TTTATTGAGA TGGGAAAAAT GTAAACCTAT2760  
 TTTTATTACT TAAGACTTTA TGGGAGAGAT TAGACACTGG AGGTTTTAA CAGAACGTGT2820  
 ATTTATTAAT GTTCAAAACA CTGGAATTAC AAATGAGAAG AGTCTACAAT AAATTAAGAT2880  
 TTTGAAATT GTAAAAGAAA AAAAAGGGGG GGGAGAGGAA GGAGAGAAGA AGAAAAAAA2940  
 GACGAAAAAA GAGAAAGTTG TTA

2963

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3234 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154 :

CCGCAGAGGG CGGGGGCTAC GGGGCAGCCC CGGGCGATGA GGGGCCGGCG TTGACCGGGA 60  
 AGAGCGGGCA CGCGGGCAGT GGCTCCGAGG GGACCCGCGA TGGCAGCGCC CTGAGAGGAG 120

GCTCCAGGCA GGGCGGGCTG CGCTGGCAGC GGCCGCTGAG GTGCTGGCCG GCCGGCTGGC 180  
 TGGCGACGGG GGCAGAAGCG ACGAGAGGGCG CGCTCGGCAC CCGCACCCCCC GTGCCCGGC 240  
 CTCAGTTGTC TAAACTTCGG GCTCTTCCC ACCGTCTGCG CGCCCAGAGT CAACAACCTC 300  
 TTCACCCCCC TCCGCCCG CCCTTCCCTC CGTCAGCCCC GGGAGCTCCG CGCGGCCCGG 360  
 GGACCAGGAA CCTCCAGCG TGAGATGTGG CCGTGAGGCG TTGGCGGGCG CCGAGGGAGAA 420  
 GCTCGGGCGC GTCCCGGGGC CGGAGGGCG TGGGGCCGGG GCGCAGGGGC GCGAGCACCC 480  
 CGCGCCTCTC CCCCCGCTCC TCCTGCCGTC TCCGCCGCTG CCCGTGCCTT GCAAGCAGCA 540  
 GCCGGAGCTG CCAAGCGTCA GGGCCGCGGA GATGTCGTCG TCGTCGCCG CGGCGGGGGC 600  
 TGCCAGCGCC GCCATCTCGG CCTCGGAGAA AGTGGACGGC TTCACCCGGA AATCGGTCCG 660  
 CAAGGCAG AGGAGAACG GCTCCCAGGG CTCGTGCGAG TTTCGCAGCC AGGGCAGCCA 720  
 GGCAGAGCTG CACCCGCTGC CCCAGCTAA AGATGCCACT TCAAATGAAC ACAAGAGCT 780  
 TTTCTGTCAG AAGTTGCAGC AGTGTGTAT ACTGTTGAT TTCATGGACT CTGTTTCAGA 840  
 CTTGAAGAGC AAAGAAATTAA AAAGAGCAAC ACTGAATGAA CTGGTTGAGT ATGTTCAAC 900  
 TAATCGTGGT GTAATTGTTG AATCAGCGTA TTCTGATATA GTAAAAATGA TCAGTGCTAA 960  
 CATCTTCGT ACACCTCCTC CAAGTGATAA TCCAGATTTT GATCCAGAAG AGGATGAACC1020  
 CACGCTTGAG GCCTCTGGC CTCACATACA GTTGGTATAT GAATTCTCT TGAGATTTT1080  
 GGAGAGCCT GATTCCAGC CTAGCATTGC AAAACGATAC ATTGATCAGA AATTGTACA1140  
 ACAGCTCTG GAGCTTTTG ATAGTGAAGA TCCCAGAGAA CGTGACTTCC TGAAGACTGT1200  
 TCTGCACCGA ATTATGGGA AATTCTTGG ATTAAGAGCA TTCATCAGAA ACAAAATTAA1260  
 CAACATTTC CTCAGGTTTN ATATATGAAA CAGAACATT CAATGGTGT GCTGAACCTC1320  
 TTGAAATATT AGGAAGTATT ATCAATGGCT TTGCAATTGCC ACTGAAAGCA AACATAAAC1380  
 AATTCTAAT GAAGGTTCTT ATTCCCTATGC ATACTGCAA AGGATTAGCT TTGTTCATG1440  
 CTCAGCTAGC NATATTGTGT TGTANCAGTT CCTGGAGAAA GATACAACAC TAACAGAGCC1500  
 NAGTNGATCA GAGGACTGCT GAAATTTGG CCAAAAACCT CGAGTCAGAA AGAGGTGATG1560  
 TTTTAGGAG AAATTGAAGA AATCTTAGAT GTCATTGAAC CAACACAGT CAAAAAAATT1620  
 GAAGAGCCAC TTTCAAGCA GATATCCAAG TGTGTATCCA GTTCTCATTT TCAGGTTGCA1680  
 GAAAGGGCAT TGTACTTNCT NGGAATAACG AATATATTCT TAGTTGNAT TGAGGAGAAC1740  
 ATTGATAAAA TTCTGCCAAT TANTGTTGC CAGTTGTAC AAAATTNCC AAAGAACACT1800  
 GGNAATCCGA CCATTGNTAG CACTNGGTAT ACAATGTGCT GAAAACCTTA ATGGNAATN1860  
 GAATGGCAAG CTTTCGATG ACCTTACTAG CTCATACAAA GCTGAAAGAC AGAGAGAGAA1920  
 AAAGAAGGAA TTGGAACGTG AAGAATTATG GAAAAAATTAA GAGGAGCTAA AGCTAAAGAA1980  
 AGCTCTAGAA AAAACAGAATA GTGCTTACAA CATGCACAGT ATTCCTCAGCA ATACAAGTGC2040  
 CGAATAAAAA AAAAGCCTCC CACCTCTGCC GGATAGGCAG AGNNNTTTGT ATGCTTTTT2100  
 GAAATATGTA AAAATTACAA AACAAACCTC ATCAGTATAA TATAATTNAA AAGGCCAATT2160  
 TTTNCTNGG CAACTGTNAA ATGGAAAAAT ATATNNNGGA CTAACGTNA GCCCTGTGNC2220  
 TGTATCATGG CCATAGTATA TTGTAACCTT TGTCTAATCA TTGGATTTAT TGTGTCACTT2280  
 CTGAAGTTTC ACAGAAATGA ATGAATTTTA TCATCTATGA TATGAGTGTG AGAATTATGG2340  
 GAGTGGTAAG AATTATGACT TGAATTCTC TTTGATTGTG TTGCACATAG ATATGGNTAG2400  
 TCTGCTCTGT ATATTTTCC CTTTTATAAT GTGCTTTCA CACTGCTGCA ANACCTTAGT2460  
 TACATCCTAG GAAAAAATAC TTCCCTAAAT AAAACTAAGG TATCATCCTT ACCCNNTCTC2520  
 TTTGTCTCAC CCAGNAAATA TGATNNNGGG GGAATTACCT GCCCTNAACC CCTCCCTCAA2580  
 TAAATACATT ACTGTACTCT GGNAAATTAN GGCAAAACCT NTAAATCTNN CCAGGGTTT2640  
 TAAAGNCACA AAATNATAAA TAAAAGCTGG GAAAGTAAAC CAAAATTCTT CAGATTGTT2700  
 CTCATGAATA TCCCCNNTTC CTCTNGCNA TTCTNCCAGA GTGGTAANCA GATGGGTAGA2760  
 GGCNAGCTN AGGTGAATTA CCCNAGCTTG CCTNCTNAA NTTNCATTCC NTCCTCTTNC2820  
 CTCTNCAAN GGCTNGANAG GCAGGGCCTT TNCCAGTCCT CACAACCTGT CCTTNANC2880  
 TAGNTCCCTC CTGANNCNA NGGGATGGNA GGNCTTNGA GNTCCCACAG TGTNGGNTGA2940  
 TNACAGAGCA CNTAGTTGTN CACTGNCTG GCTTATTAA AAGGAACTGTC AGTAGGCTTC3000  
 CTCTGTAGAG CTCTGAAAG GTTGACTATA TAGAGGTCTT GTANTGTTT TACTTGGTCA3060  
 AGTATTCTC ACATTTTG TTATCAGAGT ACCATTCCNA ATCTCTTAAC TTGCAGTTGT3120  
 GTGGAAAAT GTTTGTAAT GAAAGATCTT CATTGGGGGA TTGAGCAGCA TTTAATAAG3180  
 TCTATGTTG TATTTGCCT TAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAGGGGGGTA GCCA 3234

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3080 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155 :

GCGCAGGCGC AGTGGTGAGC GGCAACATGG CGTCAGGTC TAAGCGGCGT GCCGTGGAAA 60  
GTGGGGTTCC GCAGCCGCCG GATCCCCAG TCCAGCGCGA CGAGGAAGAG GAAAAAGAAC 120  
TCGAAAATGA GGATGAAGAC GATGATGACA GTGACAAGGA AAAGGATGAA GAGGACGAGG 180  
TCATTGACGA GGAAGTGAAT ATTGAATTG AAGCTTATTG CCTATCAGAT AATGATTATG 240  
ACGGAATTAA GAAATTACTG CAGCAGCTT TTCTAAAGGC TCCTGTGAAC ACTGCAGAAC 300  
TAACAGATCT CTTAATTCAA CAGAACCATATA TTGGGAGTGT GATTAAGCAA ACGGATGTTT 360  
CAGAAGACAG CAATGATGAT ATGGATGAAG ATGAGGTTT TGTTTCATA AGCCTTTAA 420  
ATTTAAGTGA AAGAAAGGGT ACCCAGTGTG TTGAACAAAT TCAAGAGTTG GTTCTACGCT 480  
TCTGTGAGAA GAACTGTGAA AAGAGCATGG TTGAACAGCT GGACAAGTTT TTAAATGACA 540  
CCACCAAGCC TGTGGGCCTT CTCCTAAGTG AAAGATTCAAT TAATGTCCCT CCACAGATCG 600  
CTCTGCCCAT GTACCAGCAG CTTCAGAAAG AACTGGCGGG GGCACACAGA ACCAATAAGC 660  
CATGTGGGAA GTGCTACTTT TACCTTCTGA TTAGTAAGAC ATTTGTGGAA GCAGGAAAAAA 720  
ACAATTCCAA AAAGAAACCT AGCAACAAAA AGAAAGCTGC GTTAATGTTT GCAAATGCAG 780  
AGGAAGAATT TTTCTATGAG AAGGCAATTC TCAAGTTCAA CTACTCAGTG CAGGAGGAGA 840  
GCGACACTTG TCTGGGAGGC AAATGGTCTT TTGATGACGT ACCAATGACG CCCTTGCAGA 900  
CTGTGATGTT AATTCCAGGC GACAAGATGA ACGAAATCAT GGATAAACTG AAAGAATATC 960  
TATCTGTCTA ACCCATTCTC AATGGACAGT GATGGGCTTG TTTTGTAAGAA ATTACCAAGAA 1020  
AACTCAGTGG AGATTACTG AAAAACTCAG ACTTATTCA GATTAAGTTC CTCTACAAAA 1080  
AGTAGGGTTC TGTCCATGT GTCTCTGACA CATTACAAA ATACCAGTTT TTTAAATTT 1140  
TGGTCAAATT ATGAGTGGTT GATTTAAAAA CTTTCCAAG AAGAAGAAAA GCATGGAGTC 1200  
GTAATTTAAA GAACTCAATA AAAACTCTA TTTTTTATTG TAAAATAATA TACACAGTGT 1260  
TATTTTCTTC AAGACCGTCC TGTGGATGTG AAATCCGTCT TCGCGTCATG TATCTCCCAT 1320  
ATCCAGCAGT TCAGCCATCC AGCTACCTT GGGACCCCTGC TGCACCTTGT GTTGCTGGG 1380  
GAGTCACTGG AGAGTGCATC TCTGTTCACTG TTCAGGGCAC GTCTCACACA TTTGCTGTT 1440  
CTTATTCTATT GTTGACACAG GGGATAGGTG ATCCACTACT TGCTGTAGAA TGTCCTTACT 1500  
TTCACTAGGA GGCAGATTAC TGAAATAGTA TTGTGGTACC AGCTGCATAA ATAGTCAGG 1560  
AGAGATTCT GAGGTAATCC TGATGTAGTT GTTCTCAGAA ATGCTGAATT TATGAAAGAG 1620  
GACCCACTCT GGCATCTTCT TGGTGATTGA GTAACCAGAC AGGGGATGCA GCTGAGAAC 1680  
CTGCTTATGT GTCAGCATTAA AGTAGTTACC TGATCCATCA ACATCCCAGAG CAATCTGCAT 1740  
AAAGTAACCG GACAGAAGAG CTTCTTTAT GTTTAGAGTG TTTCCCTGG AGCCAAAAGC 1800  
AGGTTCTGCA TAGGGAAGCT CGATTCGCTT GATAATTCT AAGAGTTCAAG CTCGAATAAC 1860  
ATCTGCCATT CTGAGTGCTG AACAGTTGAG GAAGTAATCA CGACACCACT TTTCCACACAA 1920

GTACTCACTG CTAGAATTCA GAGTTGTGTC TTGGTAAGCC TTGTAAATGC TGATGAGGGT1980  
 AAAGTGATCT CCTTCGGGAT GTAAAAATGT CTTCAAACAA GTCAAGGCAG CCTCTTCAGC2040  
 TCCATGTGGC ACATGTAAA AGCAATTGG AGCTGTTACC ATGGCCGCGA TTGTTAGCAC2100  
 TTCATCTACA CAGTCAAATT CACAGGACGC TAAGATAGAC TTCGAGAGTT GTGGATCAAG2160  
 AGGAAAATCT GACATGTGA TTCCAAATTC AGAAAAGATT CCATCATTAT CCAGTGCTGC2220  
 CAGATAATCT AAGTCTTCCA ATGCCTGCAT CAAACTTTCT GGTGCTGGTC TGTTCATGAA2280  
 GTCACAGTGG CCTAGGCCCG CAATGTCTAT CCTCTTCATA AAAAGCACCA TGCTTGTAG2340  
 GTTGGCTTC TGCAATTCTG CTGGCTTCAG TGGCGTCATG TCTTGGAGG CAAATTCTTC2400  
 AGTGTACAGG CAGAAAAATT TTCCGTGAAGA AGATGAGCCA AGAATCTGCT TGCCTATCTC2460  
 TGCTGGCTC TGGCTGATGG GCTGCATGAC GAGCGAGTT GCTCTTATTG TCAGGGTTGTA2520  
 CACCTTTCTT CTTCACAC CCACATCGAT AACAAATCTG ACTGAGTTGC TCCAGATCAA2580  
 AAACCTCCA GAGCTAGTAG TTAACACCAC TCTCTTTGA TAAACTTGGC ATCTTTTTC2640  
 TGTTCATCG AGTGGCTTGA ACAATGAACA TTTCTCTTT GGATACAAAG GAACAACCAC2700  
 CAGTTCTCCA AGATCTGGGT TTAGGTTAGA TCCTTGATAG ACAGTTTCAC AGACTTCCTC2760  
 AATATCTGT TCACAGGCCA GAAAGACTAC AATGTCACCT TTCTCACCCG AGTGGTGAAT2820  
 TCTCAAAGATA AGGCGTAAAA TAGACTCAA AGAATCTTT TGAGCCTCAC TAAGGTACAC2880  
 AACCTCCACA GGGTGTAT TTTTCACTTC TATGACAGGC ACGTTTCCAT AATAAGAATT2940  
 GAGTTGCTG ATCAGGTGAG GTGAGGAGTT AATTATGAGC TTCAGTTCTG GTCTGCTAG3000  
 TAAAACATCT TTAAGAACAC CAAGTAACAC ATCAGTTGCA ATGCTTCTTT CATGAATATC3060  
 ATCTAAGATG ATGACCCCAT

3080

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2407 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156 :

GAGTGAGTGA GTGTGTTGCA TCGAATTAAG GACTCTTGAA GAGAAGAGAG GTCCATTAG 60  
 GGTTGTCCAG ATTGAAGTGA GGTCTCACCG TGAAAAGAAA AGGAAAATAT TCAGACTCTC 120  
 TTGAAATCCA AAGAGCAAGA AGTAAATGAA CTTCTGCAA AATTCCAGCA AGCTCAGGAA 180  
 GAACTTGAG AAATGAAAAG ATACTCTGAG AGCTCTTCAA AACTGGAGGA AGATAAAGAT 240  
 AAAAAGATAA ATGAGATGTC GAAGGAAGTC ACCAAATTGA AGGAGGCCTT GAACAGCCTC 300  
 TCCCAGCTCT CCTACTCAAC AAGCTCATCC AAAAGGCAGA GTCAGCAGCT GGAGGGCGTG 360  
 CAGCAGCAAG TCAAACAGCT CCAGAACCCAG CTGGCGGAAT GCAAGAAACA ACACCAGGAG 420

GTCATATCAG TTTACAGAAT GCATCTCTG TATGCTGTGC AGGGCCAGAT GGATGAAGAT 480  
 GTCCAGAAAG TACTGAAGCA AATCCTTACG ATGTGTAAGA ACCAGTCTCA AAAGAAGTAA 540  
 AGTGGATTC TTGGCAGGAC ACTGCCCTT GTCATCTGTC TTTGTGTTAG ATCCAGAGTT 600  
 GTCGGCAGCC GCTGCCATTG TTCTCATCG TGTTATGCAC TGTGGCTAG CGTAGTTCTT 660  
 CCCTTCCAA AGGTTCTGA GGACTTCTCC CAGGAGAAGA CTGCCGCCT CAGAACTGCT 720  
 TAGAGACTTC AAACCAGCAG AGGTGAAAGT CCCTGTCATC CCTTCAGATT CCAGAGCTGG 780  
 GATCAGCCAT GCCCAGAGGT CTGGCCTGA TGCTGGCAGG GGGGCCCCCT CCTCCATCCC 840  
 TGACTGGCTG AGTGGCTTA TCACCCCGA GTGATGTGCT GAGGCCTCCT GCAGTGAATG 900  
 CTCCCTCCAT TCCTGTACTC GGGCAGTGCC ATTCAAGCACA GGAGAGCTCT TTTTGCCTT 960  
 GGCTTCAAT TCCAAAACAT GATTTAATT CTAACATAAT TAGTATGGCA CTAGTTATGA1020  
 AGTATCTGCT TAAAACCCCT CATCATGATA TCCTGTGGAT TTAAAAACTC TAATTCCATG1080  
 TTTTCTTCCC ATCTGCCTTA TATATCTCAT CACCCGCTT ATCAATATTG AGTTGATGA1140  
 GCACTATTAA CTAAAATATG AAACCTAAAA ACAAAAGCAA GTTGTCTTA AAAGTCTTT1200  
 TTTTAAGTAA ATTGTTGACA TACTGAAAT TTTCTATGCA AACTTGCTC CTGCTGTTAT1260  
 CTGTGAAGCT CAGGAAATCC AAACATTGT GTTCAACAA GGGACAGTAA ACTGTGTGTT1320  
 TACAGCCAAA AGAAATGCCT CATAGTTCTT AACCTCAACT TTTGTAGAAG TATTTTTTC1380  
 TCTGTAATAT TTTTATTGGC TCATAAAGAT GTTTCATAT CTGAACCTCT AAATAAGTGA1440  
 AATTACAGTA GATTATATTA ACAAAATACT TTTTAGGTAG CCATGCTTGA GACTTTTAA1500  
 AAATATAACT TTTCCCTAA AGTTTCAGC TATAGCAAAA GGTAGTTATG TATGCCAGAC1560  
 CTAATATGAG CTGCCACCAA CACCCCTAGA ACTTCAGCC ATGGTGTCTT CAGAATTGTA1620  
 GCGCATTCT GAATCTAGCA AATCCTCCTT TTACCCGTTG ATATGTTTGA ATGCCCTGAC1680  
 TCTACCAGCG CCCATAAATG ATCTCTAGAA GGACTGTTAG TACCAATCTG TTTTCAACT1740  
 TTGAAGCTAA AAACCTGTAT ATGGTAATAT TATGGTGCAT AGCAGAGGTC TCGGAAAAAA1800  
 AATATTTCTG TTCACCTTAC TTTCAGGTTA AAAATGTTTC TAAACACGCTT GCAACTTCCC1860  
 TTATGGCATT AATCTTGTG AGGGAGAGAG ACAGAATCCT GGACTCTCCA AAGTATTTAA1920  
 CTGAAAGTAG GGCCTGCTCT GACAGGGCCC ATGTCCTCACAA AGGCTGCTTG GCCTCAGTGG1980  
 GTGCTTGGCT GTGCTGGATG ATATGTTGAT CTGTATTGGA TAAGGACCAA TGACAGCAAA2040  
 GCAAAAATGG CTTTAAAGCT TGGTGTACT TTTCTTAAGT TGTTTAATTAGT TAGTTAAGCA2100  
 ATTCAAAAAA TGCTCCAAAG AAATGTGAAA GGACCTTTG TCACAGCACT TCAGAAAATA2160  
 CACAACAGCC CCTCTGCCC CCGCACAGAA ATGCTGCAGA GTATATAAAA CTTGAGACAT2220  
 TTTGTAGGA TGCTGACGA GGTGTAGCCT TTTATCTTGT TTCCGGATGC ATATTATTA2280  
 CGAGTACTCT GGTAAATAT TGAAAAGTTA TATGCTGTAG TTTTTAGTAT TTGCTTTG2340  
 TAATTTACAG AAGTTATTGG AGAAAATAAA CTTGTTCAT TTTGCAAAA AAAAAAAAAA2400  
 ATGAAAAA 2407

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1625 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157 :

TTTTTTTTTT TTTTTTTTTT TTTTTTTTTA AGGTCATCTA GTTGTATTGT 60  
 ATCAGAACAA GCAAGGAAAT CCCATAATGT TCTTCAACT GTTTTACCT ATAAGATTT 120  
 GCAACCAAAG ACTTTCGGCT AAGATGGCCA CAGGACATTT AACTTGTAAAG GGCTAGTATG 180  
 AAGGTACTAC AGGTATAATG CACATCATCT AGCCCACCAG GAAGGAAATA TGCTTAATAA 240  
 CTTGCCCGAG GCTGCCCCAG GACAAGGATC TCTAGAGAAA AGACAACCTA CAGACTAGTT 300  
 GCTTGCTGTT TTCCAAAACA TTTGTTGGAA GAAATCACAT GACACATGTA TCAGGAACAT 360  
 TTTCTAATTA TGTTATATAAA TGGATATGTG ATATGTGTGC TATTGTGTG CTAATGTCCT 420  
 AAGTGAAGTT CTGCAGACCA TCTGGGTCAA AGTGCATTTC GCATGATCAA AAATGAAGAA 480  
 CCACTGGTTG TCACGGAGAC AGGGAAAAAA AAAAGAATGG GGAAAAATGC ATGACAGAGT 540  
 CTTTACTTTT AAATGATTAT CGATACACCA AGTAATACAT GTAACAAGTT CTTGAATTCT 600  
 ATCATCTAGT AATTTCGATT AAGAGAAACT AAAAGCAGCC CAAACAATTG CACTAGTATT 660  
 CACTGTTCTA ACCATTAGCA AGAATGGACT ACTTTAAGGC TGGCTGCTGC TTCACACAGG 720  
 TTACAAAGAA CTATTTACTA CTTTTTCATA GATAAAGCCC CTGACCTTCAG AGAAAGTGT 780  
 AGGGAAAAAA ATTATTTAAT CCCTTCCTT CTTCAAAGAA TTGTTATGTG GTTTTTTTT 840  
 TTTTTAAACT AGATCTAAGA AAGAAAAAGT CAACACTGAT ATACATGTG CTTGAGCCAA 900  
 AAGACATAGG AAAAAAAAGAC AACATATAAC CATTAAATTG CTAAGAAATA TGAGGTAAAA 960  
 AGATGAAATC TTGAGATAAT TTCTAAGTCT GTACAAAAAA GCTAGATTG CTACTCTCCA1020  
 AAAAGTGGAA GGACCTATTA TATAATATAT GGAAATAATT TAATGCCATA TCATAAGAAT1080  
 GTAACTAGAG CTGTGCTAAG CTTCATATTG GTGAGGGCAT CTAAAATGCC ACTCCACAGC1140  
 ACAGGTGCTT CTCTCTTCTA TCCATTTATG CGGTAGTTT CATGGATTTC TGGCCGAATG1200  
 TCACAGACAA AAGCCAAGAG GTTGTCCAAG ACTTCATCCC TGTTCTGCCG GAAGTATGTC1260  
 TGGAGGATGG TCATCTTCTC CTGGGTCTCC TTCTCCACTT CAGTGCTGCA ACTGCCACGG1320  
 GATCCCAATG CCGCAGCTTC CTTGGCCTTG AATTCTTCT CCCTCTGCAG GCGGTACTGT1380  
 TCAATTTCAG CCTGAGCTTC TTCTTTGGCC TGCTTCAGCC TCCGGTTCTT TCTTTTGCAGG1440  
 GCCTCGGACA CCTTCTCGGC TGCCCGCTTC TCAGGCTGCA GCAGCTGCTG AATCCCCTGA1500  
 GACTGACTAG CCATGGCGGC AGCGATTCTG AGAGCAAGGC AAGCGGCCTA AGGCACCTCG1560  
 AAGGCCCTT GGGTCAGCTG ACACAGCCGC CCACAATCTG CGCTTGCTCC TTGCGCCTGC1620  
 CTTCG 1625

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1402 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158 :

```

TAAAGCTGCG GCGGCCGTTC GCGTTTCTCG TGTCCGTTG ACTGACAGCT GCGCGGGGG 60
AGCGGGCGGC GCGAGCGGGA GGCAGCGGCG CAGAGCTTGG GGCTTCCTTG GTGCAACCCA 120
CCACCTGCCT GCCCACTGGT CAGCCTTCAG GGACCTTGAG CACCGCCTGG TCTCTTCCT 180
GTGGCCAGCC CAGAACTGAA CGCGCTGCGC ATGGCGCGC CCTGCCTCCA GGCGTCAAG 240
TACCTCATGT TCGCCTCAA CCTGCTCTTC TGGCTGGAG GCTGTGGCGT GCTGGGTGTC 300
GGCATCTGGC TGGCCGCCAC ACAGGGGAGC TTGCACACGC TGTCCTCTTC CTTCCCGTCC 360
CTGTCGGCTG CCAACCTGCT CATCATCACCG GGCGCCTTTG TCATGGCCAT CGGCTTCGTG 420
GGCTGCCTGG GTGCCATCAA GGAGAACAAAG TGCCCTCTGC TCACATTCTT CCGGTGCTGC 480
TGGTGTTCCT GCTGGAGGCC ACCATGCACA TCCTCTTCTT CGCCTACACG GACAAGATTG 540
ACAGGTATGC CCAGCAAGAC CTGAAGAAAG GCTTGACACT GTACGGCACG CAGGGCAACG 600
TGGGCCTCAC CAACGCCCTGG AGCATCATCC AGACCGACTT CCGCTGCTGT GGCCTCTCCA 660
ACTACACTGA CTGGTTCGAG GTGTACAACG CCACGCCGGT ACCTGACTCC TGCTGCTTGG 720
AGTCAGTGA GAGCTGTGGG CTGCACGCC CGGGCACCTG GTGGAAGGCC CCGTGTACG 780
AGACGGTGAA GGTGTGGCTT CAGGAGAACC TGCTGGCTGT GGGCATCTTT GGGCTGTGCA 840
CGGCGCTGGT GCAGATCCTG GGCGTGCACCT TCGCCATGAC CATGTACTGC CAAGTGGTCA 900
AGGCAGACAC CTACTGCGC TAGGCCGCC ACCGCCCGCT TCTCTGCCAA AAGGACGCC 960
ACGGGGAGAT GGCGCACCC ACAGCTGCCT TTCCCACAC CAGCCTCGGT GCTCTGCCCA 1020
ATGCTGGGAG GAGGGAGGGG GGGACAGGTG CCTGGAGGCC CGGGAACCT GTTCTGGAA 1080
GGCCCTGGCT CAGGTGGCTT CAGGGCCTCC GGACCCCCCCC TGGGAGGGGT GGCCACGTGC 1140
TGGCTGCCGA ACCCAGGGCA GGGGTGGGAG GGGCCTCCAG CACTTTTTAT ATTTACGTAT 1200
TCTCCAAAGC AGTGGTCACA CGGGAGCCAG CCTGTGGCCC CCAGCCTCCT GGAAAACAGG 1260
TTGGCGCTGG AGGAGCCGGG TCTTGGCATC CTGGAGGTGG CCCCACTGGT CCTGGTGCTC 1320
CAGGCGGGGC CGTGGACCCC TCACCTACAT TCCATAGTGG GCCCGTGGGG CTCCCTGGTGC 1380
ATCTTAATAA AGTGTGAGCA GC 1402

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2159 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159 :

TAGAATATTG ATGTGAGTTC ATTCCCTCCCT GCTGAGATTG TTCAGCTCCT CCTTCCCTGC 60  
 TATAACCGACT GGACTTGAAC ACTAAGTCTT CAATAGCTGA GATTCTCCAT CTTAACCTAC 120  
 TTGGAGGCAA GAGCAGATTG GTTGTTCAT TATGGATGGA GGGGATGATG GTAACCTTAT 180  
 TATCAAAAAG AGGTTTGTGT CTGAGGCAGA ACTAGATGAA CGCGCAGAAA GGAGGCAAGA 240  
 AGAATGGAG AAAGTCGAA AACCTGAAGA TCCAGAAGAA TGTCCAGAGG AGGTTTATGA 300  
 CCCTCGATCT CTATATGAAA GGCTACAGGA ACAGAAGGAC AGGAAGCAGC AGGAGTACGA 360  
 GGAACAGTTC AAATTCAAAA ACATGGTAAG AGGCTTAGAT GAAGATGAGA CCAACTCCT 420  
 TGATGAGGTT TCTCGACAGC AGGAACATAAT AGAAAAGCAA CGAAGAGAAG AAGAACTGAA 480  
 AGAACTGAAG GAATACAGAA ATAACCTCAA GAAGGTTGGA ATTTCTCAAG AGAACAAAGAA 540  
 GGAAGTGGAA AAGAAACTGA CTGTGAAGCC TATAGAAACC AAGAACAAAGT TCTCCCAGGC 600  
 GAAGTGTGG CAGGAGCTGT GAAGCATAAG AGCTCAGAGA GTGGCAACAG TGTGAAAAGA 660  
 CTGAAACCGG ACCCTGAGCC AGATGACAAG AATCAAGAGC CCTCATCCTG CAAGTCTCTC 720  
 GGAAACACCT CCCTGAGTGG CCCCTCCATC CACTGCCCT CTGCTGCAGT ATGTATCGGC 780  
 ATCCCTCCAG GCCTGGGTGC CTACTCTGGG AGCAGCGACT CCGAGTCCAG CTCAGACAGC 840  
 GAAGGCACCA TCAATGCCAC CGGAAAGATT GTCTCCTCCA TCTTCCGAAC CAACACCTTC 900  
 CTCGAGGCC CCTAGTTCT CCGTCCCTAC ACAGGGAGCT CCTCCCAAG GGTAGATCGG 960  
 ACCGTTCATG CTGCTCTATAG GCATTATGTC CCTCAAAAAAA AAACCTCTTT GCCTGCATCC1020  
 TGTGTACAAAC ATGACATTTT TAACCAATCC AATCTAAAAA TGTGCCAGAA TCCACCTGTG1080  
 GCCCGAATCG TGGTGGTTC CTCTTCTAC TCCACTGCAG ATGACCAAAAC CTGTCGGCT1140  
 GCCCACTTCC TCACTGATAT TGGGAGGAGG GCAAGGCCCA GCCGGAAGTTC CACTAAAAAT1200  
 GCCCCAGGAG AATAGGCACC GGCTGGCTTG CAAAGGGTT TGGGTTTTAT TGCTTCTGT1260  
 TTTTTCTTTT CCCGACAGCA CAAAGAAGTA AGGGCAGTTA TTGGACAGGT GTTATTAAA1320  
 CATTCTATTG TAAATGAATG TGGTGGTGG TTCTACTGCA TTGTGGAGCA TGCGGGGAA1380  
 GAGAACTGAC CCAGGTAATG AAATGGAGCC CTTCCCTGGG ACTAACCGAT CCTTGATGTT1440  
 GTGTGACTAA GTAAAGATGA TAAACCCAT CTGCTGGGG TGTCACTTCA CACTCGGCAT1500  
 GCATTGTGAA AGCTTCCAT ACCCTGGCC ATTCCTCTC TCCTCTCTC CCAACCCAT1560  
 TTATGCAGGA AGGGACTGCT AACAAAGAACG CTTCCATCTC AAACCTTTTC TCTGCCTGGG1620  
 AAATTATTT ATGTTGTTT TTGAAATAAA GGATTAGTT TAAGATTCTA AATTAGAG1680  
 AAACAAACGT AGGCCTGTT TACTAATAGC CAGACATCAG AACTGCAGGT AGGTATGTTA1740  
 ATGAGATGAC TTATTTCTGG CAGCTCCTGG AATCCTATAA TTGTAAATGA GTGGGACACA1800  
 CTTGCATATT GTGACCATTG TATTGAGGCC CTTCTCTGTT TAATGCATAT TATACTTGTG1860  
 CTTTTAACGT TGGATCTAT TTCTAACCTA AAGGTGCTGC CCTAGTACTT TTCTTTGCT1920  
 GCCTCTGCTG CTCTTTTCC TTTTCAAAC AGCAAACCT GAGGCCATGA GCAGCCAAA1980  
 ACTAGAGGTA CTGCTCCACC TCGTCTCATA AAGGGAAACG GGCTCATCCC TTGGATTCTG2040  
 GAGGAGGGAG AGGGAGATGG TGTGGAGGCT CGAGGACAGA GAGAGACATG AGTTGACAA2100  
 CAATCTGTAG GCCGCCTGGC TTAGAATAAG CAGTACCTTC TTATCATTCC GCTATTCCC 2159

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2795 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160 :

TCACCCGCCT TAGAAAATTC AAAGAAAGAT GGGAAAGGAAA GTCCTGAGGA ATATAGACAG 60  
ACATTTTAA CCGCAGACGT TTAAAGGTCT CCAAAGAAAT CTCGGAGTCC ACGGGAGTCC 120  
CCCAAGAAGG CCAAGAAGTT AGAAGTCATC ATCGGGAAGC CCCAGGGTCT TTCTAGTTT 180  
GACAGAGAAT TAGAAAGAGA GAAAGAACCC CAGCCACTAG AGCGTGAAGC CAAAGAAAGG 240  
GAGAAAGAAC GGCAGAAGATC CCGAAGTATT GACCGGGGGTAGAACGCAG GCGCAGCAGA 300  
AGTAGGGAAA GGCATAGAAG TCGCAGTCGA AGTCGTGATA GGAAAGGGGA TAGAAGGGAC 360  
AGGGATCGAG AAAGAGAGAA AGAAAATGAG AGAGGTAGAA GACGAGATCG TGACTATGAT 420  
AAGGAAAGAG GAAATGAACG AGAAAAGAAA GGTCCAAGGA ACAGAGAAGT AGGGGAGAGG 480  
TAGAAGAGAA GAAACATAAA GAAGACAAAG ATGATAGGCG GCACAGAGAT GACAAAAGAG 540  
ATTCCAAGAA AGAGAAAAAA CACAGTAGAA GCAGAACGCAG AGAAAGGAAA CACAGAAGTA 600  
GGAGTCGAAG TAGAAATGCA GGGAAACGAA GTAGAAGTAG AAGCAGAACAG AAATCAAGTA 660  
AACATAAAA TGAAAGTAAA GAAAATCAA ATAAACGAAG TCGAAGTGCG AGTCAAGGAA 720  
GAAC TGACAG TGTGAAAAA TCAAAAAAAC GGGAAACATAG TCCCAGCAAA GAAAATCTA 780  
GAAAGCGTAG TAGAAGCAAA GAACGTTCCC ACAAAACGAGA TCACAGTGTAGT AGTAAGGACC 840  
AGTCAGACAA ACATGATCGT CGAACGGAGCC AAAGTATAGA ACAAGAGAGC CAAGAAAAC 900  
AGCATAAAA CAAAGATGAG ACTGTGTGAA AATATTTGT AAAAGTGGAT CACATTGAAT 960  
CCTATAAATG ATAAATCTG CTTTTTCCC CCACGTTGAG ATTGTGCACT AGTTCCACT 1020  
CCTCAAGCTC TCCCTGTAGG CTGCATTTC ATTTCCTCTT TCGTGTAGGG AAGTGCCTT 1080  
GTAATTCCAT TTATTCATT GGTGTTTCA CCCAATTGTT AGTTGTATA CATGATGCAC 1140  
AGATTGTTCT TGCAATTAA TTGTTTGTGTT TTGAAATGTA CAGTCTGTAC ATATGCTCTG 1200  
AAAATGTTT AATTCTTTG GCATGGTTGC CATGGTGGTT AAATTTGTAT AAGGCAATAA 1260  
ACTGCCACTA ATCTATTTT GTTTGTAGG TGTGGGATTA TGGTTTGTGT ACTGAAGTTA 1320  
GCATGGCTGT GCTTTCGTA ATAGAATGCT AAAGACTTTG AGAATGGATC TTGGATGTCT 1380  
ATTATAGGAG AAGTATGTG TGCAATGTA CAAGAAGGCA GCATTGTTAGG ATTAACATTC 1440  
TTGTCTACTG TATATTATCT TGGAAAGCTC TTGTTAATAT GTTACACTTA ATATTCTCCA 1500  
CAGTTACCT TAGAGAGAAT TTATGAGAAG TTAGTTCTG ATGCAGAGGGT TTTTAGGCTG 1560  
TGATTTCATC AAAAGTCCCT TTAGCATTCT ACCTCAAAGG GACACTTAGT ATGCCAAAAA 1620  
TTTATTCACT TAGTTTCTC TTTTTATTG AAAAATACA TGACATGTA TCTTTTTTC 1680  
TTGAATTCTT TCTCAGATT TAAAGTACTA TATTAAGAA AAAAATTAAT GTCTAAAGCC 1740  
TAGCATTCTT GCAGAACCCCT ATACTAACAT GTAATGGGG GAGGGTGGGG CAGATGAGTA 1800  
GAGAAACAGA TTCAAGCCTC AAGCTTCCAA AGCATTTTA TAAATGGAAA ATCCTAAAT 1860  
TATGAAACAG CTTGATATAG TGTCTTTT TTAAAATTCA GAACTTTTT TATTGATAAT 1920  
GGAGATTGCT GTTGTGAGTT TTAAACTTAA TCTAGAACAG AGGAGTATTA AAAGTAATGC 1980  
TGTGCTGCAT TATTTAAGAC TATCAGCAA TTATTTGATA GATTGTTCTT ACAACTTGT 2040  
TTCTGATTAC AGAACCATCA TGAGTGTGGA ATAAATACTG GATTAAATCC TTTATCCTGG 2100  
GTCTGGCTT TTCCCCCATT TGTAAATT TTTTAGCATA TTTATATTGT GGAAATTGAT 2160  
GAAACGTCAG TAGAGTCACA CTTTGTGAC AGGGATGTCT TAGTGCCAG ATGACAAGTG 2220  
AATTTGGAG AAATGCATAG ACTGGGATG GGCATGTGGT AATCAATAAT CTTTATTAGA 2280  
ATACTTGATA ATGGCAGTTC CCTTGTCA TGTTGTTAC ATGTGTCACT TGATTACTT 2340  
GTTCCATGTC AAAGACGTTT ATTGGGATAC CTTTACTTG GACAATATGT TAGCATT 2400  
TAAAATTGG ACTTGAATT CTTAAAGATA ATTCAACCAA TTCTTTTAG AAAAGAAAAT 2460  
AGAGGCCAA AGTAATGATG TCAGTGTAG GGCTAAACT CAGTATTCTG ACAGTGTAGT 2520  
GAACCTGGCA CGCACATTGA GGTTGTTT ATCTCACTGG TTATACTGGC CAACTAATGC 2580  
GCACTCAGAA GCCACCTTGC AAAAATGTTA AATGGAGCAA ACGAGTACAC TTGCAAGAGT 2640

CCTCCATATG TGGGCTTAAC ATATGTACCA CTCCATTAA GAAAAATCTC ATTAAATGAA 2700  
 TTCTTCTAAA AATGATATGC TTTTTCTTT TTTAAGAAAA TTCCTTGTC TTTTAAATTG 2760  
 AGCATCAAGT GAATTAGTGC TATAGACACC CAGAA 2795

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1711 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 161 :

TCGGCGAGCA ACGCTGGAGC ATCCCCTCT GGTGCCGCTG CAGCCGGCAG AGATGGTTGA 60  
 GCTCATGTTG CCGCTGTTGC TCCTCCTCT GCCCTCCTT CTGTATATGG CTGCGCCCCA 120  
 ATACAGGAAA ATGCTGTCCA GTGGGGTGTG TACATCAACT GTTCAGCTTC CTGGGAAAGT 180  
 AGTTGTGGTC ACAGGAGCTA ATACAGGTAT CGGGAAAGGAG ACAGCCAAAG AGCTGGCTCA 240  
 GAGAGGAGCT CGAGTATATT TAGCTTGCCG GGATGTGGAA AAGGGGAAAT TGGTGGCCAA 300  
 AGAGATCCAG ACCACGACAG GGAACCAGCA GGTGTTGGTG CGGAAACTGG ACCTGTCTGA 360  
 TACTAAGTCT ATTGAGCTT TTGCTAAGGG CTTCTTAGCT GAGGAAAAGC ACCTCCACGT 420  
 TTGATCAAC AATGCAGGAG TGATGATGTG TCCGTACTCG AAGACAGCAG ATGGCTTGA 480  
 GATGCACATA GGAGTCAACC ACTTGGGTCA CTTCTCCTA ACCCATCTGC TGCTAGAGAA 540  
 ACTAAAGGAA TCAGCCCCAT CAAGGATAGT AAATGTGTCT TCCCTCGCAC ATCACCTGGG 600  
 AAGGATCCAC TTCCATAACC TGCAGGGCGA GAAATTCTAC AATGCAGGCC TGGCTACTG 660  
 TCACAGCAAG CTAGCCAACA TCCTCTTCAC CCAGGAACGT GCCCCGGAGAC TAAAAGGCTC 720  
 TGGCGTTACG ACGTATTCTG TACACCCCTGG CACAGTCCAA TCTGAACCTGG TTGGCACTC 780  
 ATCTTTCATG AGATGGATGT GGTGGCTTT CTCCCTTTTC ATCAAGACTC CTCAGCAGGG 840  
 AGCCCAGACC AGCCTGCACT GTGCCCTAAC AGAAGGTCTT GAGATTCTAA GTGGGAATCA 900  
 TTTCAGTGAC TGTCAATGTGG CATGGGTCTC TGCCCAAGCT CGTAATGAGA CTATAGCAAG 960  
 GCGGCTGTGG GACGTCAGTT GTGACCTGCT GGGCCTCCCA ATAGACTAAC AGGCAGTGCC 1020  
 AGTTGGACCC AAGAGAAGAC TGCAGCAGAC TACACAGTAC TTCTGTCAA AATGATTCTC 1080  
 CTTCAAGGTT TTCAAAACCT TTAGCACAAA GAGAGCAAA CCTTCCAGCC TTGCCTGCTT 1140  
 GGTGTCCAGT TAAAACCTAG TGTACTGCCA GATTGCTCA AATGTCAGTCA ATGTCCAGAT 1200  
 TTACTTTGCT TCTGTTACTG CCAGAGTTAC TAGAGATATC ATAATAGGAT AAGAAGACCC 1260  
 TCATATGACC TGCACAGCTC ATTTCCCTC TGAAAGAAC TACTACCTAG GAGAATCTAA 1320  
 GCTATAGCAG GGATGATTAA TGCAAATTG AACTAGCTTC TTTGTTCACCA ATTCAAGTCC 1380  
 TCCCAACCAA CCAGTCTTCA CTTCAAGAGG GCCACACTGC AACCTCAGCT TAACATGAAT 1440

AACAAAGACT GGCTCAGGAG CAGGGCTTGC CCAGGCATGG TGGATCACCG GAGGTCAGTA 1500  
GTTCAAGACC AGCCTGGCCA ACATGGTGAA ACCCCACCTC TACTAAAAAT TGTGTATATC 1560  
TTTGTGTGTC TTCCTGTTA TGTGTGCCA GGGAGTATT TTCACAAAGT TTCAAAACAG 1620  
GCCACAATTAA ATTCAAGGAGT TGGGAGGGAA AACCAAGTGGC CATTCCAGTC TTTTTGGCAA 1680  
TGGAAATGGG TGGCGAAGG GGGTGTGCGGT T 1711

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

- (A) LÄNGE: 271 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 162

RXGCPRXMPX AKSXXVXXTL GXLXPXPGXG LPNXXSEXRX CRAXWRXLPD RXLQMLXSPC 60  
SPAXXGPAPP AGRXFXRGXA AXHAXPXXPR SLRASASRAQ SPACXLVVVC ASXILASXVL 120  
XXSSRNASSS LSVRLADCAX VPQVNHPGLL ELSLSAVALV ADPAQAVQAX GWXLRSFSXX 180  
XSVVXCCAGR XPLVXVAXGXE GLXXRSRGIS SVLLXGLXAG RCTRELSLCD AGTPARACPX 240  
SSPENFPPEKL RLVPТАFPAW GHPXPVXPBC H 271

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 163

LTCGTXAQSA NLTDKELEAF REEXXSTFEA KIXEAXTTTR XXAGDCAREA EARRERGXG 60  
XACXAAXPRX KXRPAAGGAGP KXAGLHGEXS ICRXLSGRXL XXARXQRXSE XXLGXPXPGX 120  
GXRXPSVXXT XXLILAXGIXR GQPXRQGGWG WHXVSRQEGX VSGDXQPLPS RHXGLVVVAI 180

WV

182

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 176 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 164

PVGDXRSPP SRTRSWRRSG RSXXAXSKPK SXKHXPLPEX XLEIAHEKLR HAESVGRXAX 60  
RVEPXSRXS XALLEGXDXR XLGYTVXEAS AGXCPAGXSX ELGXNEXLXG XWGXPSPAXE 120  
XGXXAXXGPX GSWPVAFXVD SPAVRVAGAG TGCRGRKDXF LVTCSRERR TXAWWW 176

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 165

IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDTASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR 60  
NSGDKKAEER AKIIFAIDQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH 113

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 166

QMQHFAATLQ ASLSGLQRL ERDRDWKGTR TEQTGYKDSK QFHALCCYRG EQNAFSKDLK 60  
TLPQLQERID ADRAWTDVM RTKENRWLEM TFIQGHFVRP 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 167

GSSKMLHLLE SHKLTWSLNV HSWITSLSIL FSSVNFDGIF PQFQKLEKLV FCPLLQGHQG 60  
TRFLLHILLY GKNDLGSLLC FLVSRVSEEP F 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 168

SLALDQMAY KALDTSSLVG EQVTSYLTKK FAELRSPNEF KVYMGHGGKP WVSDFSHPHY 60  
LAGRRAMKTV FGVEPDLTRE GGSIPVTLTF QEATGKNVML LPVGSADDGA HSQNEKLNRY 120  
NYIEGTKMLA ALYEVSQSLK D 141

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

- (A) LÄNGE: 389 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 172

SVLFCPLHHP HPPPSGVCAA AAVAAAAAAA ARPVTPTRG SLFPLLDLLS FFVEEASMGA 60  
QFSKTAAKGE AAAERPGEAA VASSPSKANG QENGHVVKVNG DASPAEEAEG 120  
APAADKEEPA AAGSGAASPS SAEKGEAAA AAPEAGASPV EKEAPAEGEA AEPGSATAAE 180  
GEAASAASST SSPKAEDGAT PSPSNETPKK KKKRFSFKKS FKLSGFSFKK NKKEAGEGGE 240  
AEAPAAEGGK DEAAGGAAAA AAEAGAASGE QAAAPGEEAA AGEEGAAGGD PQEAKPQEAA 300  
VAPEKPPASD ETKAAEEPSK VEEKKAEEAG ASAAACEAPS AAGPGAPPEQ EAAPAAEPAA 360  
AAASSACAAP SQEAQPECSP EAPPAAEAE 389

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

- (A) LÄNGE: 238 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 174

GAATESQTRP SCPGAARIPL ATIPTQIASC PWMSRAALTP PHTRQTARTM GWELRKNGTR 60  
PGAPSTAPPK GTLWPTTFRP AGPTQSLAES DSEDPGKPR LKVETKVSVE LHREEQGSHR 120  
GEYPPEPGER GRTGLASSQP PEQRKGILKN KVTPPPPLTL TEQTLKGRLR EKLADCEQSP 180  
TSSRTSSLGS GGPDCAITVK SPGREPGRDH LNGVAMNVRT GSAQADGSDS EGSNETSI 238

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

- (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 175

SFITAFRVGA IGLGAPSAHI HGHPVEVVTP RLPPRALDCD GAVGAARAQG RRARGCGALL 60  
TVGQLLPEPA LQRLLRQRQR RRVGDFIFQD AFPLLWGLAA SKPCAPPLSW FRGVLISTVTA 120  
LLLAVQLHAD LGLHLHQAGLA AGVLTVTLSQ ALGRASRPER GWPQRPLWGC CGRRPWPGPPI 180  
FPQLPPHRPR CLTSVRRRKS CSAHPGTARY LSRNRGQGDP CSSWA 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

- (A) LÄNGE: 344 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 177

TSGSLPPSAR PESTTSSPPS APALPSVSPG SSPPRPGDQEP PALRCGREAL AGAEEKLGGV 60  
PGPEGRGAGA QGREHPAPLP RLLLLPSPPLP VPCKQQPELP SVRAAEAMSSS SPPAGAASAA 120  
ISASEKVDGF TRKSVRKAQR QKRSQGSSQF RSQGSQAELH PLPQLKDATS NEQQELFCQK 180  
LQQCCILDFD MDSVSDLKSK EIKRATLNEI VEYVSTNRGV IVESAYSIV KMISANIFRT 240

LPPSDNPFD PEEDEPTLEA SWPHIQLVYE FFLRFLESPL FQPSIAKRYI DQKFVQQLE 300  
LFDSEDPRET DFLKTVLHRI YGKFLGLRAF IRKQINNIFL RFXI 344

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 178

QKSSCCSFEV ASLSWGSGCS SAWLPWLRCN DEPWERFCLC ALRTDFRVKP STFSEAEMAA 60  
LAAPAGGDDDD DISAALTIGS SGCCCLQGTGS GGDGRRRRGR GAGCSRCPAP APRPSGPCTP 120  
PSFSSAPANA SRPHLSAGGS WSPGRGELPG LTEGRAGAEG GEEVVDSGRA DGGREPEV 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 179

DVAVRRWRAP RRSSAASRGR RAVGPGRGGA STPRLLSPASS CRLRRCPCLA SSSRSCQASG 60  
PRRCRRRRRR RGLPAPPSPRP RRKWTASPGN RSARRGRSA PRARRSFAAR AARQSCTRCP 120  
SSKMPLQMNN KSFSVRSCSS VVYCLISWTL FQT 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

- (A) LÄNGE: 564 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 180

```

GVIIILDDIHE RSIATDVLLG LLKDVLSSP ELKLIINSSP HLISKLNSYY GNVPVIEVKN 60
KHPVEVVYLS EAQKDSFESI LRLIFEIHHS GEKGDIVVFL ACEQDIEKVC ETVYQGSNLN 120
PDLGELVVVP LYPKEKCSLF KPLDETEKRC QVYQRRVVLT TSSGEFLIWS NSVRFVIDVG 180
VERRKVYNPR IRANSLVMQP ISQSQAERIK QILGSSSSGK FFCLYTEEFA SKDMTPLKPA 240
EMQEANLTS M VLFMKRIDIA GLGHCDFMNR PAPESLMQAL EDLDYLAALD NDGNLSEFGI 300
IMSEFPLDPQ LSKSILASCE FDCVDEVILTI AAMVTAPNCF SHVPHGAEEA ALTCWKTFLH 360
PEGDHFTLIS IYKAYQDTTL NSSSEYCVEK WCRDYFLNCS ALRMADVIRA ELLEIHKRIE 420
LPYAEPAFGS KENTLNKKKA LLSGYFMQIA RDVDGSGNYL MLTHKQVAQL HPLSGYSITK 480
KMPEWVLFH K FSISENNYIR ITSEISPELF MQLVPQYYFS NLPPSESKDI LQQVVDHLSP 540
VSTMNKEQQM CETCPETEQR CTLQ                                     564

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

(A) LÄNGE: 187 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzeln  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 183

```

KLNHVLELKA KGKKSSPVLN GTARVQEWEK HSLQEASAHM SVVIKPLSQS GMEEGAPLPA 60
SGPDILWAWLI PALESEGMTG TFTSAGLKSL SSSEAGSLLL GEVLRNLWKG KNYARPQCIP 120
RMRTMAAAAD NSGSNTKTDD KGQCPAKEST LLLLRLVFTH GKDLLQYFLD IFIHLALHSI 180
QKMHSVN                                         187

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: lin ar

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 184

KEKENIQTLL KSKEQEVNEL LQKFQQAQEE LAEMKRYSES SSKLEEDDK KINEMSKEVT 60  
KLKEALNSLS QLSYSTSSSK RQSQGLEALQ QQVKQLQNQL AECKKQHQEV ISVYRMHLLY 120  
AVQGQMDEDV QKVLKQILTM CKNQSQKK 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185

MISRRTVSTN LFFNFEAKNP DMVILWCIAE VSEKKYFCSL YFQVKNVSNT LATSLMALIL 60  
LRERDRILDS PKYLTESRAC SDRAHVPQGC LASVGAWLCW MIC 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

;

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 187

AACLAIRIAA AMASQSQGIQ QLLQAEKRAA EKVSEARKR KNRRLQAKEE AQAEIEQYRL 60  
QREKEFKAKE AAALGSRGSC STEVEKETQE KMTILQTYFR QNRDEVLDNL LAFVCDIRPE 120  
IHENYRING 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- (A) LÄNGE: 293 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

;

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 190

LTAARRERAA RAGGGGAEILG ASLVAPTTCL PTGQPSGTLS TAWSLSCGQP RTEALRHGAR 60  
LPPGRQVPHV RLQPALLAGR LWRAGCRHLA GRHTGELRHA VLFLPVPGC QPAHHHRRLC 120  
HGHLRLGLPG CHQGEQVPPA HFLPVLLVFL LEATIAILFF AYTDKIDRYA QQDLKKGLHL 180  
YGTQGNVGLT NAWSIIQTDF RCCGVSNYTD WFEVYNATRV PDSCCLEFSE SCGLHAPGTW 240  
WKAPCYETVK VWLQENLLAV GIFGLCTALV QILGLTFAMT MYCQVVVKADT YCA 293

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- (A) LÄNGE: 168 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

;

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 192

STWRQEIQIGC FIMDGGDDGN LIIKKRKFVSE AELDERRKRR QEEWEKVRKP EDPEECPEEV 60  
YDPRSLYERL QEOKDRKQQE YEEQFKFKNM VRGLDEDETN FLDEVSRQQE LIEKQRREEE 120  
LKEVKRNN LKKVGISQEN KKEVEKKLTV KPIETKNKFS QAKCWQEL 168

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 193

POEGWNFSRE QEGSGKETDC EAYRNQEOQL PGEVLAGAVK HKSSESGNSV KRLKPDPEPD 60  
DKNQEPSSCK SLGNTSLSGP SIHCPSAAVC IGILPGLGAY SGSSDSESSS DSEGTINATG 120  
KIVSSIFRTN TFLEAP 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

- (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 194

WCLRCLSWTR SRCRSRHPG LGGCRYIILQQ RGSGWRGHSG RCFRETCRMR ALDSCHLAQG 60  
PVSVFHCCCH SISSYASQLL PTLRLGEILVL GFYRLHSQFL FHFLLVLLRN SNLLEVISVF 120  
LQFFQFFFSS LLFY 134

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:195:

- (A) LÄNGE: 179 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 195

LPLRLRLFDF SLLSFLCLLD FSLLLLLRF PAFLRLLLLL CFLSLLLLL CFFSFLESLL 60  
SSLCRLSSLS SLCFSSTSP LLLCSLDLSF LVHFLFPYHS HDLVFYLSHF LSFLFLDPCPF 120  
YPLSYHDFDC DFYAFPYFCC ACVLTPGQYF GIFAVLSPFL WLHALVAGVL SLFLILCQN 179

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 196

IFLCWDYVPV FLIFQHCQFF LDCHFDFVYL IFLYFHFYVV LISLCFYFYF VSLHFYFDSY 60  
FCVSFLCFCF YCVFSLSWNL FCHLCAAYHL CLLYVSSLLP LPYFSVPWTF LFSFISSFLI 120  
IVTISSSTSL IFFLSFSIPV PSIPFPITTS TATSMPPPTS AAPAF 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- (A) LÄNGE: 163 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 197

TRKERSKEQR SRGEVEEKHH KEDKDDRRHR DDKRDSKKEK KHSRSRSRER KHRSSRSRN	60
AGKRSRSRSK EKSSKHKNES KEKSNKRSRS GSQGRTDSVE KSKKREHSPS KEKSRKRSRS	120
KERSHKRDHS DSKDQSDKHD RRRSQSIEQE SQEKQHKNKD ETV	163

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

- (A) LÄNGE: 335 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 198

RRATLEHPAL VPLQPAEMVE LMFPLLLLLL PFLLYMAAPQ IRKMLSSGVC TSTVQLPGKV	60
VVVTGANTGI GKETAKELAQ RGARVYLACR DVEKGELVAK EIQTGTTGNQQ VLVRKLDLSD	120
TKSIRAFAKG FLAEEKHLHV LINNAGVMMC PYSKTADGFE MHIGVNHLGH FLLTHLLLEK	180
LKESAPSRRIV NVSSLAHHLG RIHFHNLQGE KFYNAGLAYC HSKLANILFT QELARRLKGS	240
GVTTYSVHPG TVQSELVRHS SFMRWMWWLF SFFIKTPQQG AQTSLHCALT EGLEILSGNH	300
FSDCHVAWVS AQARNETIAR RLWDVSCDLL GLPID	335

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1712 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 201 :

```

gtggcagaaa acctcatgac acaatctctc cgcccccgt tttgggtgga ggatgtctgc 60
agcagcatt aaattctggg agggcttggt tgtcagcagc agcaggagga ggcagagcac 120
agcatcgctcg ggaccagact cgtctcaggc cagttcagtc ctctcagcc aaacgcccac 180
caaggaaaac tcactaccat gagaattgca gtgatttgc ttgcctctt aggcatcacc 240
tgtgccatac cagtaaaaca ggctgattct ggaagttctg agaaaaagca gctttacaac 300
aaatacccaag atgctgtggc cacatggcta aaccctgacc catctcagaa gcagaatctc 360
ctagccccac agaatgtctgt gtcctctgaa gaaaccaatg actttaaaca agagaccctt 420
ccaagtaagt ccaacgaaag ccatgaccac atggatgata tgatgtatgaa agatgtatgac 480
gaccatgtgg acagccagga ctccattgac tcgaacgact ctgatgtatg agatgacact 540
gatgattctc accagtctga tgagtctcac cattctgatg aatctgatgaa actggtcact 600
gattttccca cggacctgccc agcaacccgaa gttttcactc cagttgtccc cacagtagac 660
acatatgtatg gccgagggtga tagtgtgggt tatggactgaa ggtcaaaatc taagaagttt 720
cgcagacccgtg acatccagta ccctgatgct acagacgagg acatcacccctc acacatggaa 780
agcgaggagt tgaatgggtc atacaaggcc atcccccgtt cccaggaccc gaacgcgcct 840
tctgattggg acagccgtgg gaaggacagt tatgaaacgaa gtcagctggaa tgaccagagt 900
gctgaaaccc acagcccaa gcaatccaga ttatataatg gggaaagccaa tgatgagagc 960
aatgagcatt ccgtatgtatg ttagtgcgaa gaaacttccaa aagtccggcc tgaattccac 1020
agccatgaat ttcacagccaa tgaagatatg ctgggtgttag acccccaaagaa taaggaaaga 1080
gataaaacacc tggaaatccatg tatttctcat gaatttagata gtcatcttc tgaggtaat 1140
taaaaggaga aaaaatacaa ttctctactt tgcatttagt caaaagaaaa aatgctttat 1200
agcaaaatgaa aagagaacat gaaatgttcc tttctcaggat tattgggtgaa atgtgtatct 1260
atttgagctt gggaaatact aatgtgtttt ataatttagtt tagttgtgg ctcatggaa 1320
actccctgtt aactaaaatgc ttcagggtt tgcattgttt cattctataatg aagaaatgc 1380
aactatcaat gtattttat atttggat ttcattgttca tagaaatttata tgcattgtt 1440
aacaatataatc ttttacccac taaaaaagag aatataacat ttatgtcac tataatctt 1500
tgttttttaa gtttagtgtat attttgggtt gattatcttt ttgtgggtgtg aataaaatctt 1560
ttatcttgcgaa tggaaatataaaga atttgggtgtt gtcattgtt tattttttt cccacgggtt 1620
tccagcaatt aataaaaacat aacccctttt actgcctaaa aaaaaaaaaa gaaaagaaaa 1680
aaaagaaaaag aaaaaaaaaaaaaaggg gagggagggg ag 1712

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1610 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 202 :

caggaggaat tctatgcctg acgcgggagc catgcgcccc ctccgcctg ccactcacta 60  
gcatctggg ggggtggccg ctgagtgcca ggggacagga gtccactttt tttcggtggg 120  
aggtaataatc tagatatcga cttgtttttg cacatgtttc ctctagttct ttgttcata 180  
cccagttagac cttgttactt ctgaggttaag ttaagtaagt tgattcggta tccccccatc 240  
ttgcgtccct aatctatggt cgggagacag catcagggtt aagaagactt tttttttttt 300  
tttaaactag gagaaccaaa tctggaagcc aaaatgttagg cttagtttgt gtgttgtc 360  
ttgagttgt cgctcatgtg tgcaacaggg tatggactat ctgtctggtg gccccgtt 420  
tgggtggctg ttggcaggct ggccagtcca ggctgccgtg gggccgcgc ctcttcaag 480  
cagtcgtgcc tgtgtccatg cgctcaggcc catgctgagg cctggggccgc tgccacgtt 540  
gagaagcccg tigtgagaagt gaatgctggg actcagcctt cagacagaga ggactgtagg 600  
gagggcggca ggggcctgga gatcctccctg cagaccacgc ccgtccctgca tggcgcgc 660  
tctccagggg ctgccttcctc ctggaaatg acgaggggtg tcttgggcag agctggctct 720  
gagcgcctcc atccaaggcc aggttctccg ttagctcctg tgccccccacc ctggccctg 780  
ggctggaaatc aggaatattt tccaaagagt gatagtctt tgcttttggc aaaactctac 840  
ttaatccaat gggttttcc ctgtacagta gatttccaa atgtataaaa cttaatata 900  
aagttagtctt gtgaatgcca ctgccttcgc ttcttgcctc tggctgtgt gtgacgtgac 960  
cggaaccttc tgcaaacacc aacatgtttg gaaacttggc tccaatctct gtgccttcgt 1020  
cttcccatg gggagggatt ctgggtccag ggtccctctg tggatgttttgc tttttttttt 1080  
ggctgaaatt ctcctggagg tcggtaggtt cagccaagggt ttataaggc tgatgtcaat 1140  
ttctgttttgc ccaagctcca agcccatct tctaattggc aaaggaagggt ggtggcccc 1200  
agcacagctt gacctgaggc tgggtcaca gcggagggtgt ggagccgagg cctacccgc 1260  
agacacccctt gacatccctcc tcccacccgg ctgcagaggc cagaggcccc cagcccaagg 1320  
ctcctgcact tactgttta ttgacaacg ttcaagcgc tccgtggcc actccgagag 1380  
gtggggccagt ctgtggatca gagatgcacc accaagccaa gggAACCTGT gtccggatt 1440  
cgataactgcg actttctgcc tggagtgtat gactgcacat gactcggggg tggggaaagg 1500  
ggtcggctga ccatgctcat ctgctggtcc gtggacggc gcccaaaccg aaggctgggt 1560  
tcattttgtt aacgacaata aacggtaactt gtcatttcgg gaaaaaaaaaaaa 1610

**Patentansprüche**

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
  - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 156-158, 160-161
  - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen  
oder
  - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 156-158, 160-161 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomal Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.

8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem *E. coli* und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
22. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198.
23. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs.
26. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.
27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 in sense oder antisense Form.
28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses.
29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.
30. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 71-148, 162-198.

31. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
33. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202.
34. Verwendung der genetischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
35. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 450 bis 3500 bp aufweist.

## Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

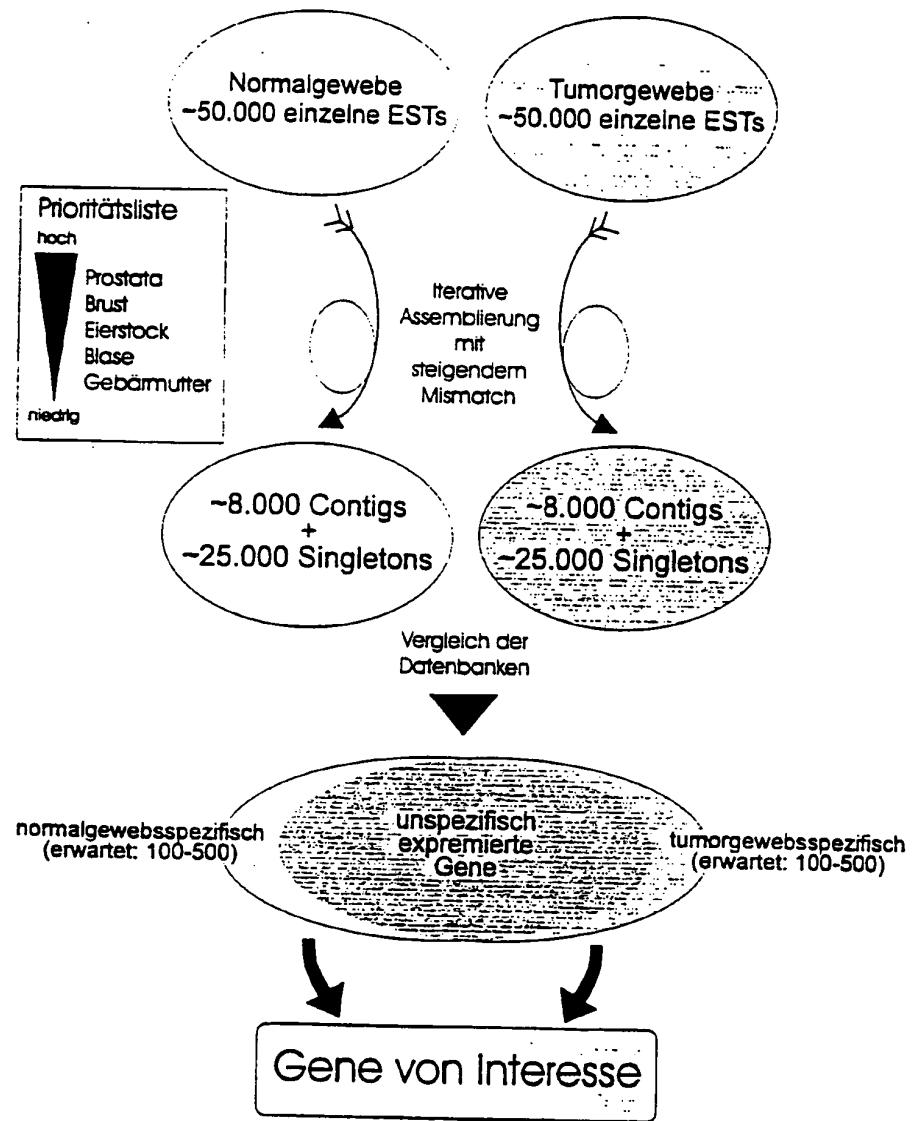
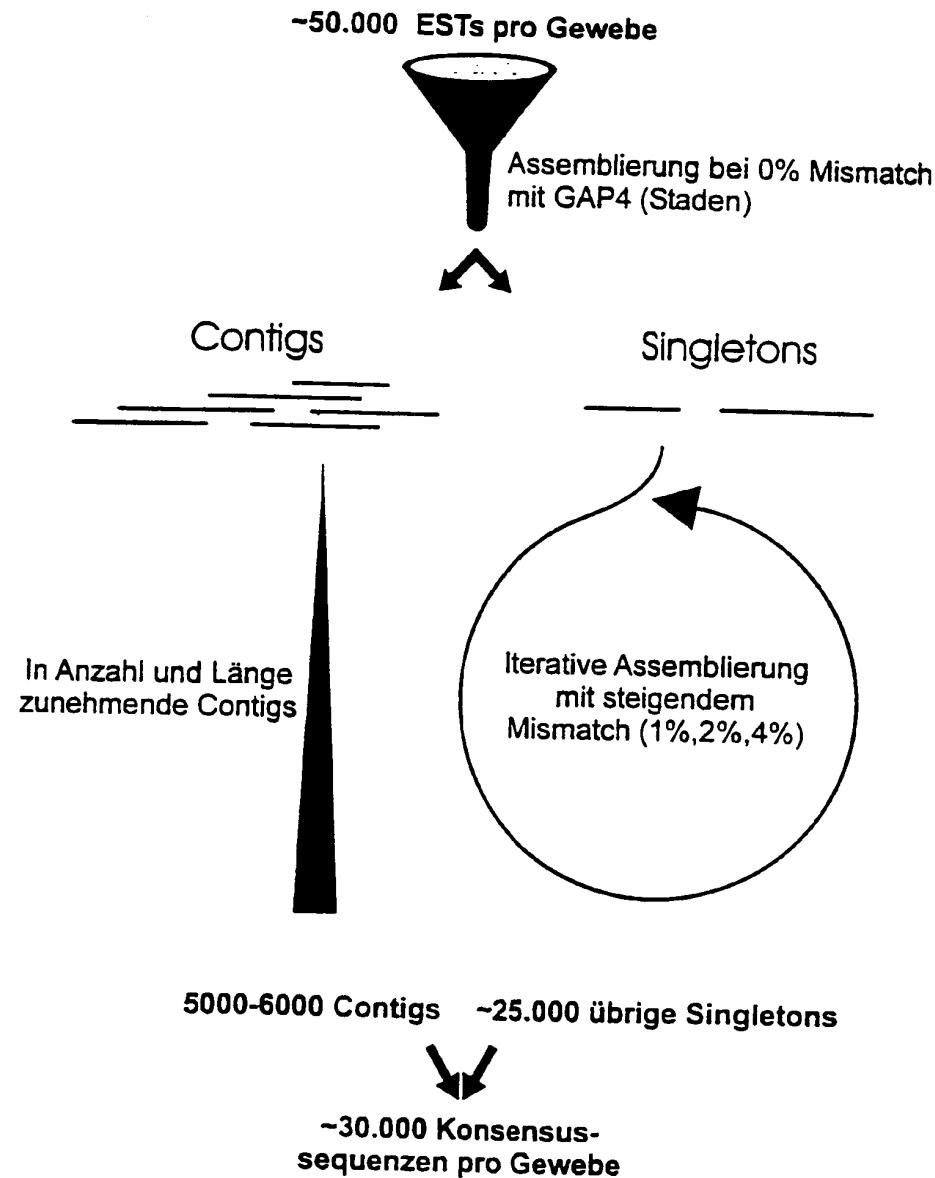


Fig. 1

## Prinzip der EST-Assemblierung



**Fig. 2a**

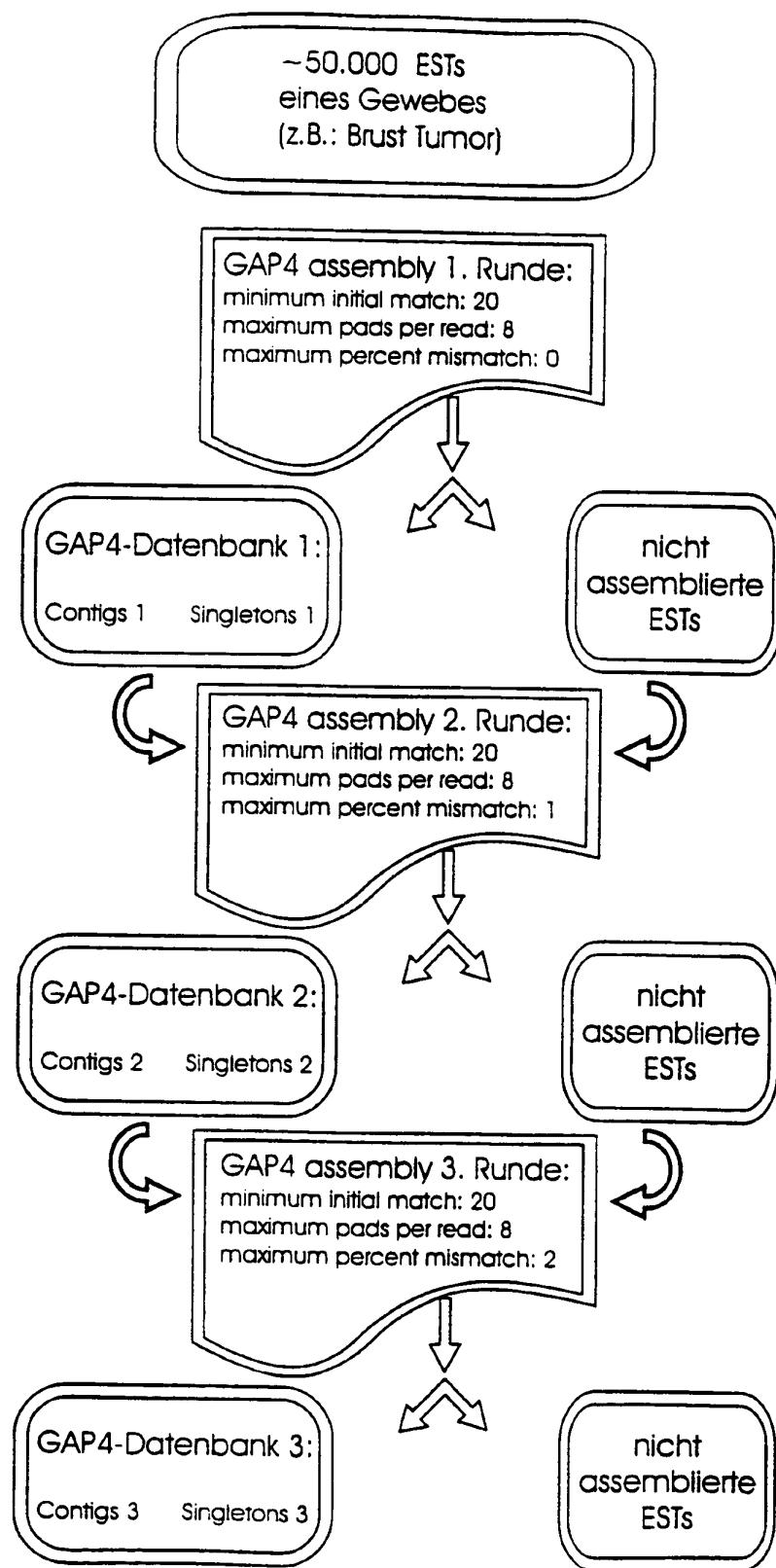


Fig. 2b1

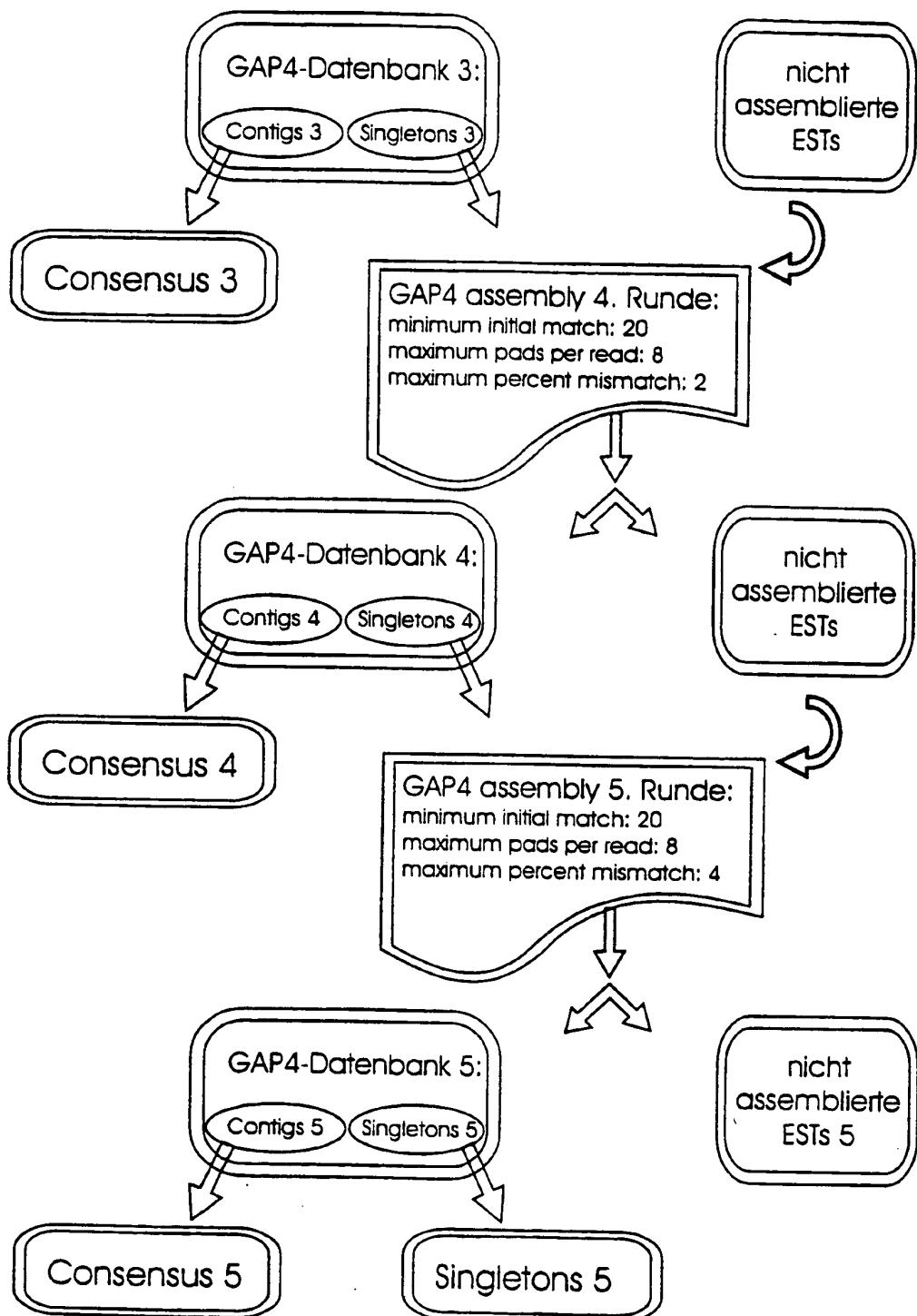


Fig. 2b2

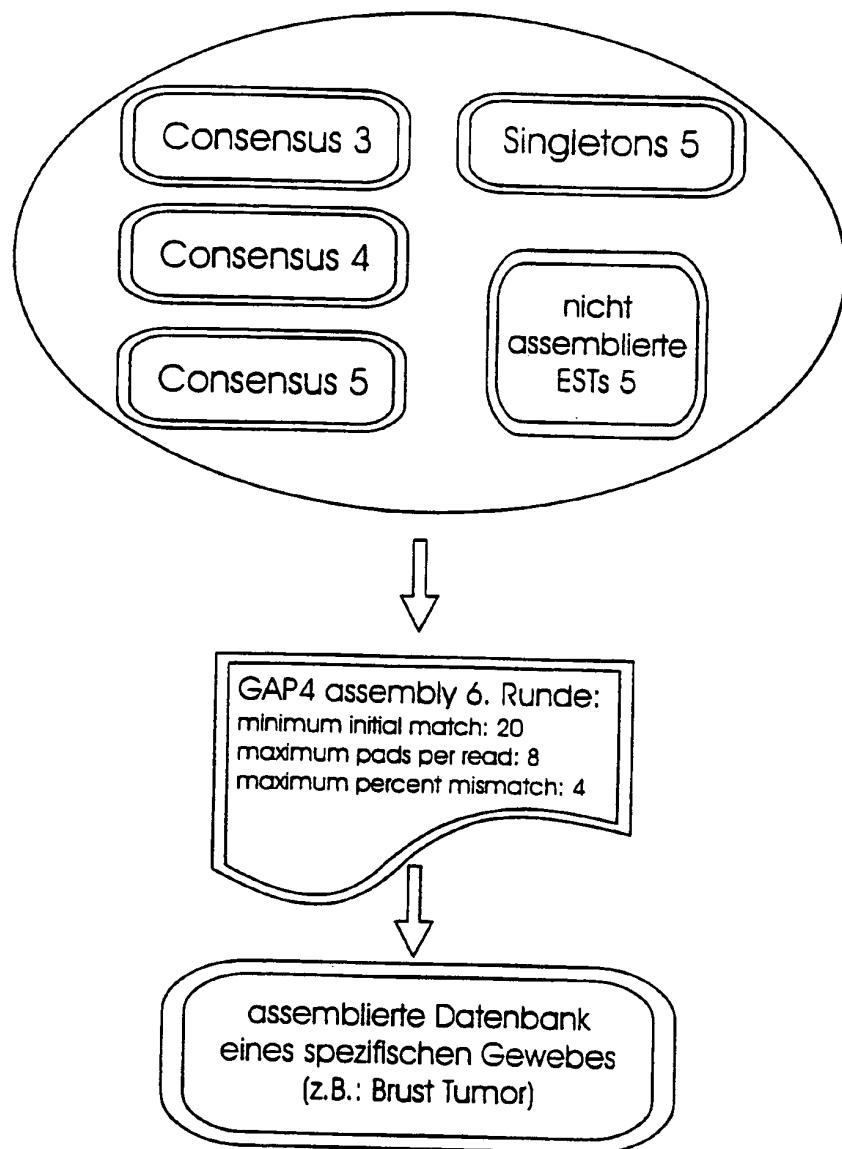


Fig. 2b3

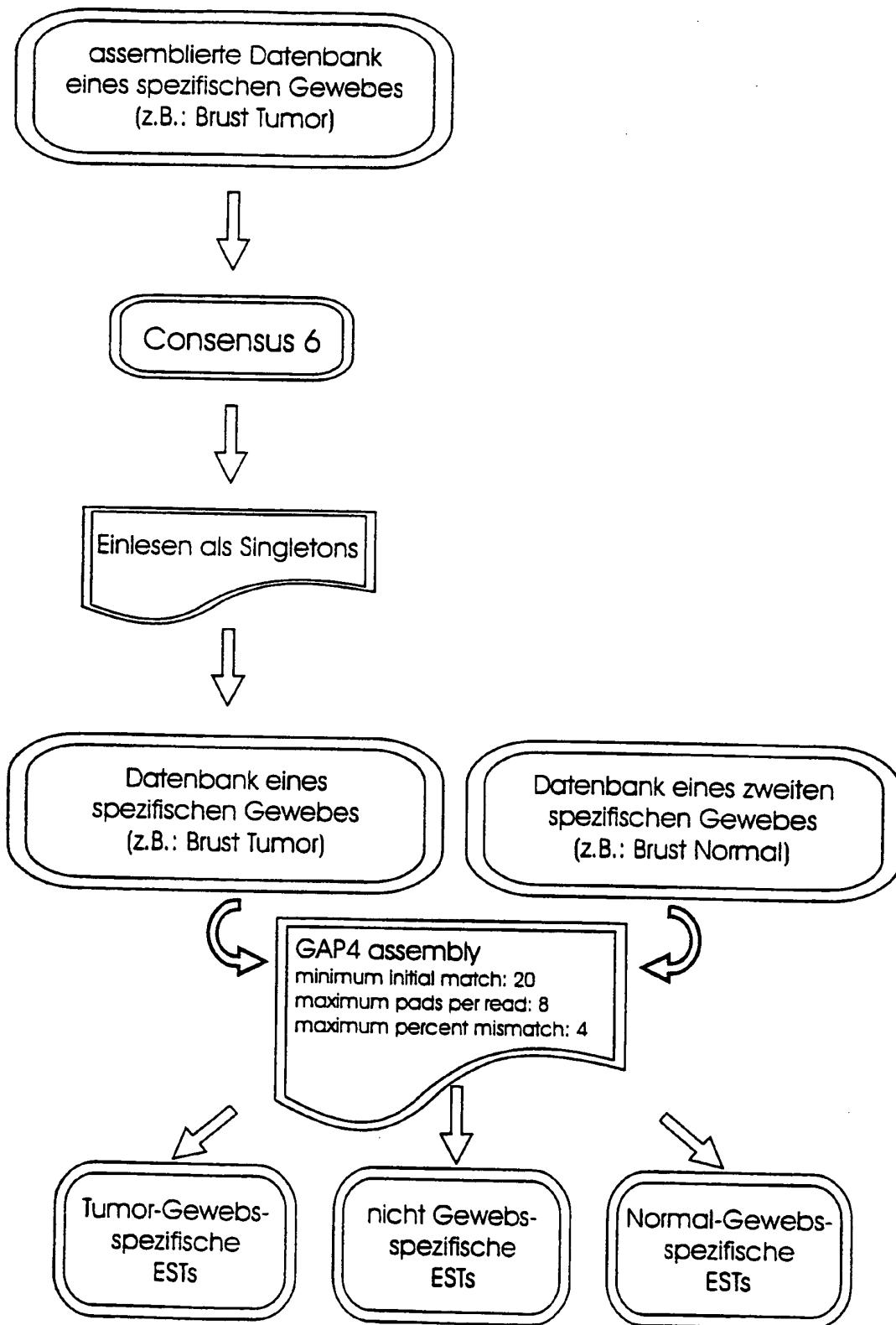


Fig. 2b4

### In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen  
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen  
Krebsgewebe

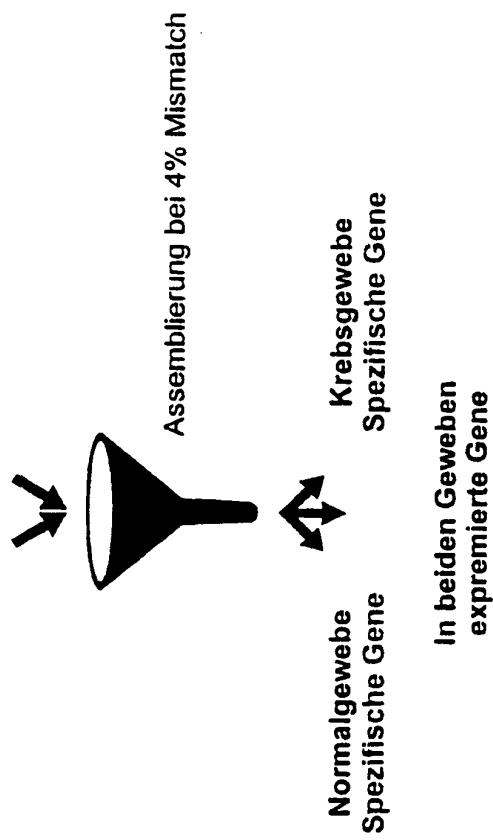


Fig. 3

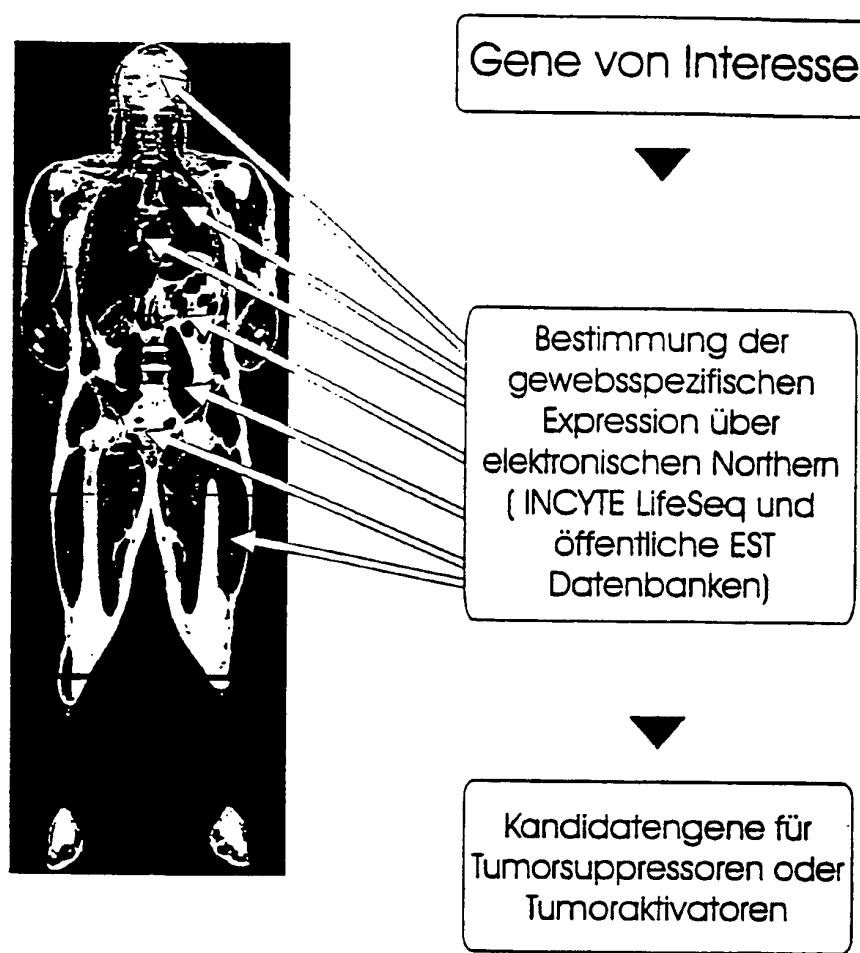


Fig. 4a

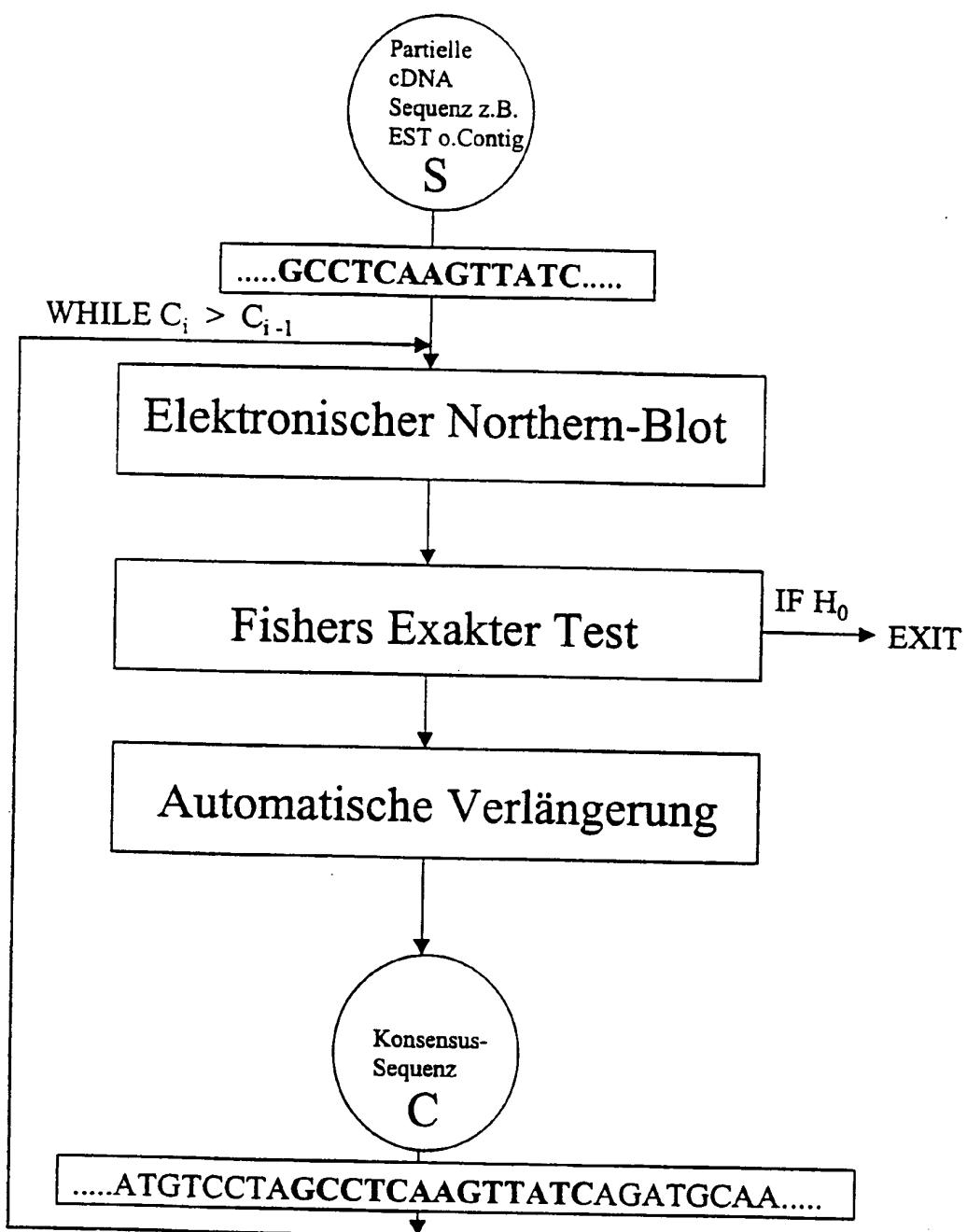


Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen

Chromosomal Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomal Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5